

— 第20卷 —



表紙の写真（出展）：

The International Barley Genome Sequencing Consortium. 2012. A physical, genetic and functional sequence assembly of the barley genome. *Nature* 491 : 711-716

研究活動目次

Contents of Research Activities

研究活動 (Research Activity)

植物ストレス科学共同研究コア (Research Core for Plant Stress Science)

大気環境ストレスユニット (Atmospheric Stress Unit)

光環境適応研究グループ (Group of Plant Light Acclimation Research)	1
細胞分子生化学グループ (Group of Cytomolecular Biochemistry)	2
環境応答機構研究グループ (Group of Environmental Response Systems)	3

土壌環境ストレスユニット (Soil Stress Unit)

植物ストレス学グループ (Group of Plant Stress Physiology)	4
植物成長制御グループ (Group of Plant Growth Regulation)	5
分子生理機能解析グループ (Group of Molecular and Functional Plant Biology)	6

環境生物ストレスユニット (Biotic Stress Unit)

植物・微生物相互作用グループ (Group of Plant-Microbe Interactions)	7
植物・昆虫間相互作用グループ (Group of Plant-Insect Interactions)	8

大麦・野生植物資源研究センター (Barley and Wild Plant Resource Center)

遺伝資源ユニット (Genetic Resources Unit)

ゲノム多様性グループ (Group of Genome Diversity)	9
遺伝資源機能解析グループ (Group of Genetic Resources and Functions)	10
野生植物グループ (Group of Wild Plant Science)	11

ゲノム育種ユニット (Applied Genomics Unit)

核機能分子解析グループ (Group of Nuclear Genomics)	12
ゲノム制御グループ (Group of Genome Regulation)	13

次世代作物共同研究コア (Research Core for Future Crops)

萌芽的・学際的新展開グループ (Group of Innovative Research)	14
国際的新展開グループ (Group of International Collaboration)	14

構成員

(Staff)	15
---------------	----

出版物リスト

(List of Publication)	17
-----------------------------	----

国際会議およびシンポジウム

(List of International Conferences and Symposia)	23
--	----

講演およびシンポジウム発表

(List of Domestic Conferences and Symposia)	27
---	----

研究所員が主催したシンポジウム等

(List of Symposium Superintended by the Member of Institute)	38
--	----

共同研究リスト (共同利用・共同研究拠点事業)

(List of Joint Projects at the Joint Usage/ Research Center)	47
--	----

本グループでは、光合成機能を担うオルガネラである葉緑体（色素体）に注目し、環境ストレス下での葉緑体の機能解析ならびに色素体の多面的な機能について研究を行っている。

1. 強光ストレス下における植物の光障害適応機構の解析

光合成において過剰な光エネルギーは光化学系 II に障害をあたえ、光合成機能の低下を引き起こすことが知られている。これを回避するため、光化学系 II では障害を受けた反応中心タンパク質 D1 を直ちに分解／修復し、光化学系全体の機能維持を行っている。これまでの研究から、光化学系 II 修復サイクルでの D1 タンパク質分解には、チラコイド膜に局在する ATP 依存型メタロプロテアーゼ FtsH と幾つかの ATP 非依存型セリンプロテアーゼ DEG の関与していることが示唆されていた。我々は、FtsH と DEG による協調的 D1 タンパク質分解の詳細を明らかにするために、FtsH 及び Deg を欠損する変異体を用いて解析を行い、実際に葉緑体内で協調的に D1 タンパク質が分解されていることを明らかにした。

2. 葉緑体膜の修復に関わる VIPP 1 タンパク質の解析

葉緑体は過剰な光エネルギーで脂質やタンパク質が損傷を受けやすいため、それらを緩和して環境に適応するための様々なしくみを発達させている。特に、葉緑体膜が損傷を受けやすいが、それらを保持する機能については未知であった。我々は、VIPP1 と呼ばれる葉緑体のタンパク質が、損傷を受けた葉緑体の膜を修復しながら葉緑体機能維持に関わっていることを明らかにしている。このタンパク質は、葉緑体の包膜と呼ばれる外側の二重膜の内側に大きな複合体を形成し、ストレス条件での膜修復に関与していることも明らかにした。このタンパク質を強化することで、葉緑体での光合成能を強化させ、環境ストレスに強い作物の育成を目指している。

3. オルガネラ DNA の代謝機構に関する研究

オルガネラ内部に保持されているオルガネラ DNA の量は、植物の発生段階によって変動し一定では無い。特に、花粉の発生過程においてオルガネラ DNA が劇的に減少することが知られている。我々は、花粉におけるオルガネラ DNA の減少が起きないシロイヌナズナ突然変異体を用いて、オルガネラ DNA 分解に直接関与する核酸分解酵素を同定し解析を行っている。

4. 澱粉粒の形状多様性を支配する分子機構の解析

澱粉粒は、植物が光合成産物として色素体内に蓄積するグルコース多量体である。澱粉粒の形状は植物種によって大きく異なるが、その形状多様性を支配する分子機構は現在まで不明である。我々は、澱粉粒の形状に異常を示すイネ突然変異体を単離し解析を行っている。

Our group has been studying plant adaptation to environmental stresses at the molecular level. Especially, we focus on chloroplasts that participate in the energy transfer systems of photosynthesis.

1. Plant adaptation mechanism for photodamage

Light energy constantly damages photosynthetic apparatuses, ultimately causing impaired growth. Particularly, the sessile nature of higher plants has allowed chloroplasts to develop unique mechanisms to alleviate the irreversible inactivation of photosynthesis. Photosystem II (PSII) is a primary target of photodamage., D1 protein in the repair cycle of PSII needs to be efficiently degraded to avoid photodamage. Photosynthetic organisms have evolved the so-called PSII repair cycle, in which a reaction center protein, D1, is degraded rapidly in a specific manner. Two proteases that perform processive and endopeptidic degradation, FtsH and Deg, respectively, participate in this cycle. We demonstrate *in vivo* cooperative degradation of D1, in which Deg cleavage assists FtsH processive degradation under photoinhibitory conditions.

2. Essential Role of VIPP1 in Chloroplast Envelope Maintenance in Arabidopsis

VESICLE-INDUCING PROTEIN IN PLASTIDS1 (VIPP1), proposed to play a role in thylakoid biogenesis, is conserved in photosynthetic organisms and is closely related to Phage Shock Protein A (PspA), which is involved in plasma membrane integrity in *Escherichia coli*. This study showed that chloroplasts/plastids in *Arabidopsis thaliana* *vipp1* knockdown and knockout mutants exhibit a unique morphology, forming balloon-like structures. This altered morphology, as well as lethality of *vipp1*, was complemented by expression of VIPP1 fused to green fluorescent protein (VIPP1-GFP). Several lines of evidence show that the balloon chloroplasts result from chloroplast swelling related to osmotic stress, implicating that VIPP1 is involved in the maintenance of plastid envelopes. Our data demonstrate that VIPP1 is a multifunctional protein in chloroplasts that is critically important for envelope maintenance.

3. Molecular mechanism of organellar DNA degradation during pollen development

In plant cells, mitochondria and plastids contain their own genomes derived from the ancestral bacteria endosymbiont. We genetically dissected the organelle DNA decrease in pollen, a phenomenon that appears to be common in most angiosperm species. By staining mature pollen grains with fluorescent DNA dye, we screened *Arabidopsis thaliana* for mutants in which extrachromosomal DNAs had accumulated. Such a recessive mutant, termed defective in pollen organelle DNA degradation1 (*dpd1*), showing elevated levels of DNAs in both plastids and mitochondria, was isolated and characterized. DPD1 encodes a protein belonging to the exonuclease family, whose homologs appear to be found in angiosperms.

4. Molecular mechanism underlying starch grain morphologies diversified among plant species

Starch is a biologically and commercially important polymer of glucose and is synthesized to form starch grains (SGs) inside the plastids (amyloplasts). Despite the simple composition of glucose polymer, SG exhibits various morphologies and sizes depending on plant species. However, the molecular mechanisms underlying this SG diversity remain unknown. To answer this question, we are now analyzing several rice mutants defective in SG morphologies.

植物の生長過程における細胞の生理機能や植物の有する多様性などを解明するために、細胞を構成する物質を、生化学的手法を用いて、分子レベルで解析している。

1. 宇宙環境で生育するミズナのストレス応答・防御遺伝子の発現

微小重力、宇宙放射線、電磁場等の地球上とは全く異なる宇宙環境が植物の発生、生長、世代交代等に与える影響は不明であるが、宇宙放射線と微小重力の相乗効果によりフリーラジカルが多量に発生し、植物に酸化ストレスを引き起こすことが予測されている。そこで、宇宙環境における植物の応答や適応を明らかにし宇宙ストレス耐性植物の開発を行う目的で、国際宇宙ステーション (ISS) で生育するミズナにおけるストレス応答・防御遺伝子の発現を検討した。大麦種子を ISS のロシア実験棟「ズヴェズダ」内に設置されている植物栽培装置「LADA」のルートユニットにセットして日照 24 時間、気温 25℃、湿度 70% の条件下で 27 日間栽培した。収穫したミズナはすぐに ISS の米国実験棟「デスティニー」内に設置されている超低温フリーザー「MELFI」に保存し、スペースシャトル搭載の超低温冷凍庫「GLACIER」に保管し地上へ搬送した。地上にある LADA で気温、湿度、給水量等 ISS 中での栽培条件と同じにして栽培したものを対照とした。葉 total RNA から作製した cRNA を Agilent 社 Arabidopsis OligoMicroarray (4 x 44K) を用いてマイクロアレイした結果、宇宙栽培ミズナで発現量が対照の 2 倍以上である遺伝子が 2,193 種、1/2 以下である遺伝子が 439 種認められた。発現量が上昇した遺伝子を Gene Ontology に則って機能カテゴリーで分類したところ、26% が「response to stress」、18% が「response to abiotic stimulus」であった。Real-Time PCR 法により HSP gene、ROS scavenging gene、PR gene の発現量を検討したところ、宇宙栽培ミズナでは対照と比べ HSP17、HSP18、HSP90、CAT、PR-1a、PAL の発現量がそれぞれ約 3.7、1.9、1.4、9.7、1.8、2.0 倍に増加したが、HSP27、SOD、PR-2、PR-13 はそれぞれ約 0.4、0.3、0.7、0.2 倍に減少した。以上の結果から、宇宙環境ストレスによって引き起こされるシグナル応答やシグナル因子は他の環境ストレスによって引き起こされるものと異なることが示唆された。

2. ホンモンジゴケの細胞壁の機能解析

ホンモンジゴケ (*Scopelophila cataractae*) 原糸体の細胞重は、正常培地や重金属 (銅、亜鉛) 含有培地において、培養開始から 90 日目まで直線的に増加した。正常細胞 (コントロール) の細胞壁および銅と亜鉛処理細胞の細胞壁中のウロン酸含量は類似していたが、アラビノースとガラクトースの含量は 61 ~ 67% に減少した。多数のグリコシダーゼとグルカナーゼ活性が、コントロールと銅処理細胞から調製した緩衝液可溶性蛋白質画分と塩化リチウム可溶性蛋白質画分に検出された。銅処理細胞の可溶性蛋白質画分中の α -L- アラビノフラノシダーゼと β - ガラクトシダーゼ活性は約 3 倍に増加した。これらのことから、重金属処理によって、細胞壁代謝に変化がおきていることが示唆された。

We have been studying the physiological functions and diversity of cells during plant growth at the molecular level using biochemical techniques.

1. Expression of stress/defense-related genes in Mizuna grown in space

In space, plants are exposed to the extreme environment, especially space radiation is suspected to induce oxidative stress by generating high-energy free radicals and microgravity would enhance the effect of space radiation. However, our current understanding of plant growth and to the synergistic effect of radiation and microgravity is limited to a few experiments. In this study, expression of stress/defense-related genes in Mizuna grown in the International Space Station (ISS) was analyzed to understand the plant responses and adaptation to the space environment and to develop plants tolerant to stress in space. Seeds of Mizuna were sown in the root module of a plant growth chamber LADA onboard the Zvezda module of ISS and the seedlings were grown under 24h lighting in the shoot module. After 27 days of cultivation, the plants were harvested and stored at -80℃ in MELFI onboard the Destiny module, and were transported to the ground at < -20℃ in GLACIER onboard the Space Shuttle. Cultivation under the same conditions was carried out in LADA on the ground as a control. Total RNA isolated from leaves was subjected to microarray analysis using the Agilent Arabidopsis OligoMicroarray (4 x 44k). Expression levels of 2,193 and 439 genes were increased and decreased to more than 2-fold respectively in Mizuna grown in space when compared to those of the control. Functional categorization of Gene Ontology showed that about 26 and 18% of the increased genes are 'response to stress' and 'response to abiotic stimulus' respectively. Expression levels of HSP genes, ROS scavenging genes, and PR genes in Mizuna grown in space were compared with those in the control by quantitative RT-PCR. HSP17, HSP18, HSP90, CAT, PR-1a, and PAL genes in Mizuna grown in space were increased about 3.7, 1.9, 1.4, 9.7, 1.8, and 2.0 times respectively, whereas HSP27, SOD, PR-2, and PR-13 genes were decreased about 0.4, 0.3, 0.7, and 0.2 times respectively. These results suggest that the signal response or signal factor induced by the space environment is different from that induced by other environmental stresses.

2. Analysis of the cell walls of *Scopelophila cataractae*

Cell mass of *Scopelophila cataractae* protonema increased linearly from the start up to 90 d in normal and heavy metal (Cu and Zn)-enriched culture medium. Uronic acids were found in similar amounts in both control and Cu- and Zn-treated cell walls, whereas the amounts of arabinose and galactose decreased to 61 ~ 67% in the Cu- and Zn-enriched cell walls. Several glycosidase and glycanase activities were detected in the homogenates of control and Cu-treated cells after successive extraction with the buffer and buffer containing LiCl. The activities of α -L-arabinofuranosidase and β -galactosidase in the soluble protein fractions from Cu-treated cells increased 3-fold. These findings suggest that the metabolism of cell walls of heavy metal-treated cells is different from that of the control cells.

本グループでは、高等植物の主に非生物的ストレスの認識および応答機構について、遺伝子レベルから個体レベルまでを、特にこれらに関わる植物ホルモンの作用に注目して研究を行っている。これまでに知られている植物ホルモンの中で、アブシジン酸 (ABA) は、乾燥、塩、低温応答に関与していることが知られており、現在は ABA の応答に関して研究に重点を置いている。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. ABA 高感受性変異株の及び ABA 情報伝達因子の解析

発芽時に ABA に高感受性を示すシロイヌナズナ変異株 *ahg2-1*, *ahg11-1*, の解析を行った。昨年度までに AHG2 及び *ahg2-1* の抑制変異遺伝子として同定された AGS1 はともにミトコンドリアで機能する、それぞれ polyA 特異的 RNA 分解酵素、polyA 付加酵素であることを突き止めた。本年度は、これら因子の更なる詳細な解析、また変異株から抽出したミトコンドリアを用いてのタンパク質の解析を行った。その結果、*ahg2-1* 変異株では、ミトコンドリア呼吸に関わる複合体の量が変化していることが判明した。AHG11 は PPR と呼ばれる RNA 修飾酵素をコードしている。本年度の解析から、AHG11 はミトコンドリアの *nad4* mRNA の一つの RNA 編集に関与していることを明らかにした。ABA 応答に関与する PP2C のうち、我々が同定した AHG1, AHG3 は他の PP2C と異なり、核局在と種子特異的発現を示す。このため、他の PP2C とは異なる機能を持つことが予想され、それを明らかにする為に AHG1 を用いた相互作用因子探索を行った。その結果、転写抑制複合体を構成する因子との相互作用が確認された。このタンパク質と相互作用するもう一つの PP2C 遺伝子の三重変異株の獲得を試みたが、今のところ得られていないので、これら 3 つの PP2C は特異的に重要な機能を持っている可能性が示唆された。

2. 気孔の開閉制御機構の解析

シロイヌナズナを用いて、気孔の開閉運動の制御に関わる因子の同定、機能解析を行った。MALDI-TOF 質量分析計を用い、孔辺細胞内で ABA により増加するタンパク質のひとつがホスホリパーゼ D (PLD) であることを明らかにした。複数存在する PLD 遺伝子のうち *PLD a1* の欠損変異体は ABA による気孔開口阻害が低感受性になっており、*PLD a1* と *PLD δ* の二重欠損体では気孔閉口誘導も ABA に対して低感受性であるなどの PLD の機能分化を明らかとした。

Our group is studying the molecular mechanisms of environmental stress responses, mainly abiotic stress response, in plants at levels from gene expression to individual behavior. Phytohormones such as abscisic acid (ABA) are deeply involved in the various stress responses of plants. Currently, our research is focused on the action of these plant hormones.

1. Analysis of the ABA hypersensitive mutants and ABA signal transducers

We are analyzing ABA hypersensitive mutants *ahg2-1* and *ahg11-1* to obtain more insight into ABA response mechanisms. We previously demonstrated that AHG2 and AGS1, which are the products of the suppressor mutant gene for *ahg2-1*, function in mitochondria as a polyA specific ribonuclease and a polyA polymerase, respectively. This year, we analyzed the functions of these factors in more detail. We also examined the protein levels of purified mitochondria and found that the balance in the protein complex is compromised somehow in the *ahg2-1* mutant. AHG11 encodes a pentatricopeptide repeat (PPR) protein that is involved in the RNA editing of a mitochondrial mRNA. This year, we identified *nad4* transcripts as the target of AHG11. AHG1 and AHG3 have unique features among the protein phosphatase 2C (PP2C) that are involved in the ABA response; they are localized in the nucleus and show high expression in seeds. We found that one component of co-repressor complex interacted with these PP2Cs specifically. We also identified another PP2C that interacts with this component. We tried to establish a multiple disruptant mutant of these three PP2Cs but have not succeeded, which implies that these three PP2Cs have essential functions.

2. Analysis of the stomata regulation system

We have been investigating the regulation mechanism of stomatal movement in response to environmental stimuli. Phospholipase D (PLD) was identified as a protein whose quantity was up-regulated by ABA in guard cells by MALDI-TOF mass spectrometry. Among several PLDs in the *Arabidopsis* genome, *PLD a1* disruption resulted in hypo-sensitivity in ABA prevention of stomatal opening, but not in the closure. On the other hand, the double disruption of *PLD a1* and *PLD δ* genes showed hypo-sensitivity in the inhibition of opening and the induction of closure.

本グループでは植物の必須元素、有益元素及び有害元素の吸収や集積機構、ミネラルストレスに対する植物の応答反応や耐性機構について個体レベルから遺伝子レベルまで研究を行っている。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. 銅の転流に関与するトランスポーターの同定

必須元素である銅の転流に必要な輸送体 *OsYSL16* を同定した。*OsYSL16* はニコチアミン-銅複合体の輸送体で、栄養成長期では、根、葉、基部節で、生殖成長期では葉と節で高い発現を示す。また葉では、維管束付近、節では節部に局在する。*OsYSL16* 遺伝子を破壊すると、古い葉から新しい葉への銅の転流が減少し、止葉から穂への銅の転流も減少した。したがって、*OsYSL16* は節部輸送を介して、銅を古い組織から新しい組織や穂へ届けるために必要な輸送体である。

2. アルミニウム耐性の分子機構

オオムギのアルミニウム耐性遺伝子 *HvAACT1* はその上流の約 1000 塩基対 (1kb) の挿入によって発現が制御されていることを突き止めた。この挿入は、プロモーターの役割を果たし、*HvAACT1* の発現量を増加させるだけでなく、発現部位を根の中心柱から根端へ変化させた。またこの挿入は酸性土壌に適応した品種にしか存在しなかった。

イネのアルミニウム耐性に関して、細胞膜に局在するマグネシウム輸送体 *OsMGT1* の発現上昇が寄与していることを突き止めた。また *OsMGT1* は転写因子 *ART1* の制御下にあった。

3. マンガン、カドミウム輸送体の同定

Nramp ファミリーに属する *OsNramp5* がイネのマンガン及びカドミウム吸収に関わる主な輸送体であることを明らかにした。*OsNramp5* は主に根で発現しており、その発現レベルはマンガンの過剰や欠乏に影響されず恒常的であった。*OsNramp5* タンパク質は根の外皮と内皮細胞の遠心側に極性局在をしていた。*OsNramp5* 遺伝子を破壊すると、マンガンだけではなくカドミウムの吸収もほとんどなくなった。わら及び玄米中のマンガンとカドミウムの濃度は破壊株で大幅に低下し、また収量も低下した。

4. オオムギのケイ素の分配に関与するトランスポーターの同定

オオムギの地上部でのケイ素の分配に関わる輸送体 *HvLsi6* と *HvLsi2* を同定した。*HvLsi6* は栄養成長期では葉身や葉鞘の基部細胞で極性分布し、導管からのケイ酸の積み下ろしの役割をしていると考えられる。また生殖成長期では、節の基部輸送細胞に極性分布し、隣接する細胞に局在する *HvLsi2* と共同でケイ酸の肥大維管束から分散維管束への維管束間輸送に機能していることを明らかにした。

Our group focuses on the mechanisms of uptake and accumulation of essential, beneficial and toxic minerals, and tolerant mechanisms of plants to mineral stresses at different levels from intact plants to genes. Our main achievements during 2012 are described below.

1. Identification of a transporter for Cu distribution

We identified a transporter for distribution of Cu in rice. *OsYSL16* is a transporter for Cu-nicotianamine complex. *OsYSL16* was expressed in the roots, leaves, and unelongated nodes at the vegetative growth stage and highly expressed in the upper nodes at the reproductive stage. *OsYSL16* was localized at the phloem of nodes and vascular tissues of leaves. Knockout of *OsYSL16* resulted in decreased translocation of Cu from old leaves to new leaves, and from flag leaf to panicles.

2. Molecular mechanisms of aluminum tolerance

We found that 1-kb insertion in the upstream of Al-tolerance gene *HvAACT1* regulates its expression in barley. This insertion functions as a promoter, which not only enhances the expression of *HvAACT1*, but also changes the expression location to the root tips. The insertion was only found in cultivars that have adapted to acid soils.

We found that up-regulation of a plasma membrane-localized Mg transporter *OsMGT1* conferred Al tolerance in rice. *OsMGT1* expression is regulated by a transcription factor *ART1*.

3. Identification of a transporter for Mn and Cd

We found that *OsNramp5*, a member of *Nramp* family, is a major transporter for Mn and Cd uptake in rice. *OsNramp5* was mainly expressed in the roots and its expression was unaffected by either Mn deficiency or excess. *OsNramp5* was localized on the distal side of both exodermis and endodermis in the roots. Knockout of *OsNramp5* resulted in decreased Mn uptake as well as Cd uptake. Subsequently, the concentration of both Mn and Cd in the grain and straw was remarkably reduced. The grain yield was also decreased.

4. Identification of transporters involved in Si distribution in barley

We identified two transporters (*HvLsi6* and *HvLsi2*) responsible for Si distribution in the shoot. *HvLsi6* was polarly localized in the xylem parenchyma cells of leaves, implicating that *HvLsi6* is involved in the xylem unloading of Si. At the reproductive stage, *HvLsi6* and *HvLsi2* were polarly localized in the xylem transfer cells and adjacent parenchyma cell layer of the node, respectively, suggesting that they are involved in the intervascular transfer of Si.

酸性土壌において植物の生育を阻害するアルミニウム (Al) イオンに着目し、毒性機構と耐性機構を解析している。毒性機構の詳細は、植物細胞のモデル系である培養細胞を用いて解析し、Al によって誘発される活性酸素種 (ROS) が細胞死に関わることから、ROS の誘発と抑制機構についてエネルギー代謝の面から解析を進めている。一方、Al 耐性機構に関しては、コムギの主要な耐性遺伝子である *ALMT* 遺伝子の機能ならびに構造解析を進めるとともに、*ALMT* 遺伝子が植物にのみ存在するユニークな遺伝子ファミリーを形成していることから、様々な *ALMT* 相同遺伝子の機能解明をめざしている。本年度の研究内容は次の通りである。

1. エネルギー代謝のアルミニウム耐性機構への関わり
タバコ培養細胞株 SL を Al で処理すると、ミトコンドリアの機能阻害に連動して ROS を生成する。一方、SL 株より選抜した Al 耐性細胞株は、Al 処理に伴う ROS の生成が強く抑制されている。糖代謝経路において、ピルビン酸から乳酸発酵、エタノール発酵、TCA 回路へと3方へ分かれる各々のステップを触媒する鍵酵素の比活性を比較した結果、野生株と比較して、Al 耐性株は、乳酸発酵への依存度を高め TCA 回路を抑制することで、ミトコンドリアでの酸化的リン酸化に伴う ROS 生成を抑制している可能性が示唆された。
2. 植物細胞におけるアルミニウムによる細胞死誘発機構の解析
植物細胞における細胞死の誘発機構には、少なくともミトコンドリア経由と液胞経由がある。本研究では、液胞に局在しプログラム細胞死への関わりが報告されている Vacuolar Processing Enzyme (VPE) に着目し、Al による細胞死への関わりを、タバコ培養細胞株 SL を用いて解析した。*VPE* 遺伝子の発現ならびに VPE 酵素活性について調べたが、何れも Al の影響を受けなかった。従って、SL 細胞株における Al による細胞死は、液胞経由ではなくミトコンドリア経由の可能性が高いと思われる。
3. アルミニウム活性化型 *ALMT1* 輸送体の機能向上を目指した遺伝子改変
コムギの Al 活性化型リンゴ酸輸送体 (Ta*ALMT1*) と同様に、シロイヌナズナの相同タンパク質 At*ALMT1* も Al 活性化型であることが報告されている。*ALMT* 輸送体機能改変を目的に、両遺伝子の N 末端側の膜貫通領域 (NT ドメイン) と C 末端側の親水性領域 (CT ドメイン) を相互に入れ換えたキメラタンパク質を作成し、リンゴ酸輸送活性を、アフリカツメガエル卵母細胞を用い電気生理学的に解析した。Al による活性化は、Ta*ALMT1* ではみられたが、At*ALMT1* では検出出来ず、さらに、NT を Ta*ALMT1*、CT を At*ALMT1* にしたキメラタンパク質 Ta::At では、Ta*ALMT1* よりも高いリンゴ酸輸送活性がみられたが、逆に At::Ta では Al 活性化が認められなかった。これらの結果から、At*ALMT1* の NT ドメインが、Al 活性化の律速になっていると考えられる。

Our research has been focused on aluminum (Al) ion, a major inhibitory factor of plant growth in acidic soils, and analysis of the mechanisms of Al toxicity and tolerance, using a cultured cell system and whole plants. Since Al-enhanced production of reactive oxygen species (ROS) is related to cell death, the production mechanism of ROS as well as the mechanism of protection from ROS have been examined, focusing on energy metabolism. For Al-tolerance mechanism, the functional and structural features of the *ALMT* gene, a major Al tolerance gene in wheat, have been studied. In addition, since the *ALMT* gene and its homologues have been found only in plants, we are trying to elucidate the functions of individual *ALMT* genes. Our research in 2012 is outlined below:

1. Aluminum tolerance mechanism related to energy metabolism
Cultured tobacco cell line SL produces ROS under Al stress, which is related to mitochondrial dysfunction. On the other hand, the Al-tolerant cell line ALT301 isolated from SL seldom produces ROS under Al stress. The activities of three key enzymes working at each step from pyruvate to either lactate fermentation, ethanol fermentation or TCA cycle were examined. Compared to SL, ALT301 exhibits higher enzyme activity of lactate fermentation, but a lower activity towards TCA cycle. These results suggest that the Al-tolerant cell line avoids ROS production under Al stress by a shift of energy metabolism pathway from mitochondrial oxidative phosphorylation to lactate fermentation.
2. Mechanism of Aluminum-induced Cell Death in Plant Cells
Programmed cell death in plant cells is known to be induced by at least two different pathways, mitochondrial pathway and vacuolar pathway. The latter pathway involves the vacuolar processing enzyme (VPE) which is located in vacuole and is reported to cause programmed cell death. In this study, the possible involvement of VPE in Al-induced cell death was investigated in tobacco cell line SL. Neither the expression of the *VPE* genes nor VPE enzyme activity were affected by Al. These results suggest that Al-induced cell death in SL could be via the mitochondrial pathway, and not the vacuole pathway.
3. Modification of the *ALMT* transporters for effective aluminum activation
Aluminum (Al)-activated malate transporter of wheat (Ta*ALMT1*) consists of the hydrophobic amino-terminal (NT) domain half, with transmembrane region and the hydrophilic carboxyl-terminal (CT) domain half. A homolog of Arabidopsis, At*ALMT1*, was also reported to be an Al-activated transporter having a structure similar to that of Ta*ALMT1*. Using these *ALMT*s, we prepared the chimera constructs with NT- and CT-domain halves replaced by CT and NT-domain halves, respectively, and analyzed the electrophysiological properties, focusing on Al activation in *Xenopus* oocyte. The transport activity of Ta*ALMT1* was highly activated by Al as reported previously, while that of At*ALMT1* was seldom activated in our system. In the chimeric proteins, the Al-activation was higher in Ta::At than in Ta*ALMT1*, but not determined in At::Ta. These results suggest that the NT domain half of At*ALMT1* limits the Al-activation of the malate transport in the oocyte system.

本グループでは、植物細胞の環境ストレス応答機構を分子生物学、細胞生物学、生理学的に研究している。現在は植物細胞の水輸送機能とアクアポリン、イオン輸送系について研究を進めている。水と低分子中性化合物の膜透過を担っているアクアポリンは原形質膜型 (PIP) や NOD-26 型 (NIP) などにクラス分けされる。イオンチャネル Cyclic nucleotide-gated channel (CNGC) は塩ストレス環境でのイオン輸送に関与していると考えられている。以下に今年度の成果概要を述べる。

1. 高流束アクアポリン

逆浸透膜による脱塩は水不足解決する有力な方法である。アクアポリンを利用した逆浸透膜の実用化に成功した例はまだないが、高性能の逆浸透膜が期待できる。本研究では一つのアミノ酸を置換した変異 HvPIP2;4 において水透過性が大きく増加することを見つけた。この知見は将来の逆浸透膜の高性能化に寄与するであろう。

2. NIP アクアポリンの輸送特性解析

イネとオオムギのアクアポリン遺伝子をヒ酸感受性変異体酵母 (Δ ACR3 株) で発現させてスクリーニングした結果、新奇に OsNIP3;3、HvNIP1;2、HvNIP2;2 が亜ヒ酸 ($\text{As}(\text{OH})_3$) 輸送活性をもつことが認められた。HvNIP2;2 はホウ酸輸送活性が知られていたが、解析の結果上記3つの NIP のうちでは OsNIP3;3 が最も強いホウ酸輸送活性も持つことが認められた。また輸送特異性の分子機構を調べるために HvNIP2;2G216M および HvNIP2;2G216Y を作成した。これら変異株ではホウ酸輸送活性は変化せず亜ヒ酸輸送活性のみ低下していた。

3. PIP アクアポリンによる形質転換イネの発現および機能解析

水耕栽培した 24 日齢のイネにおいて、浸透圧ストレス (20% PEG、-0.5 MPa) によってイネ PIP mRNA 量の総量は減少した。しかし根の水透過性 (L_p) は浸透圧ストレスによる変化は見られなかった。根で全 PIP の発現が低下している形質転換イネ系統の L_p は野生型のものとは比べて有意な低下は認められなかった。このような mRNA 量と L_p の食い違いは、PIP タンパク質のリン酸化/脱リン酸化の状態の違いによるのかもしれない。

4. オオムギ CNGC の同定と HvCNGC2-3 の能解析

CNGC ファミリーの遺伝子をオオムギから複数単離した。その中で HvCNGC2-3 においては、一般に CNGC では GQGL として保存されているイオン選択フィルターが AQGL であった。アフリカツメガエル卵母細胞に発現させて電気生理学的に調べたところ、HvCNGC2-3 は他の CNGC と異なり Cl^- を輸送性している可能性が示唆された。オオムギにおいては HvCNGC2-3 の発現は塩ストレスで増大した。塩ストレス感受性の酵母変異体 G19 に HvCNGC2-3 を導入すると G19 のストレス耐性が強化された。

We have been conducting molecular, cellular, and physiological studies on the responses of plant cells to environmental stress. Now we focus on the water transport activity, aquaporins and ion transporters. Aquaporins are membrane proteins transporting water and low weight neutral molecules, and sub-classified into PIP (plasma-membrane type), NIP (Nodulin-26 like), and others. Cyclic nucleotide-gated channels (CNGCs) are ion transporters and suggested to be a gate of ion influx into cells in salt stress. The results of our research for the current year are summarized here.

1. A high-flow aquaporin

Water desalination via reverse osmosis (RO) technology provides a solution to the world's water shortage problem. Compared to such artificial membrane, biological membranes are frequently shown to exhibit much higher rate of the flux due to the presence of aquaporins. An idea was proposed that aquaporins can be used as pores of RO membranes to get a higher flow rate. We found that a mutant of HvPIP2;4 exhibits markedly higher water transport activity. The discovery might help enhance the flux of future RO membranes.

2. Transport activities of NIP aquaporins

Rice and barley aquaporins were screened using As-sensitive yeast (Δ ACR3 line). As a result, newly OsNIP3;3, HvNIP1;2, HvNIP2;2 were identified as NIPs having As-transporting activity. Because HvNIP2;2 was previously reported to be a boron transporter, we examined B-transporting activity in these NIPs. Among them, OsNIP3;3 showed the strongest B-transporting activity. To investigate the molecular mechanism of the substrate selectivity, we generated HvNIP2;2G216M and HvNIP2;2G216Y. As-transport activity was reduced but B-transporting activity was not changed in these mutants.

3. Expression and functional analysis of rice plants transformed with PIP genes

In 24-day-old rice plants grown by hydroponics, expression of all rice PIP, except OsPIP1;1, was up-regulated in roots under osmotic stress (20% PEG, -0.5 MPa). However, no significant difference was found in the root hydraulic conductance (L_p) between the plants under normal and osmotic stress conditions. In a transgenic rice line in which all endogenous PIP genes were downregulated in roots, no significant decrease in L_p was detected. Such a discrepancy between the amounts of mRNAs of aquaporins and L_p may be explained by phosphorylation/dephosphorylation.

4. Identification of CNGCs in barley and functional analysis of HvCNGC2-3

Genes of CNGC members in barley were newly identified. We found that HvCNGC2-3, a one of barley CNGCs, has a unique motif of "AQGL", an ion selective filter that is "GQGL" in other plant CNGCs. Electrophysiological measurements using *Xenopus* oocytes indicated that HvCNGC2-3 can transport Cl^- . This substrate selectivity is unique among plant CNGCs. In barley plants, HvCNGC2-3 expression was enhanced by salt stress. Introduction of HvCNGC2-3 into a salt-stress-sensitive yeast mutant (G19) improved the salt tolerance in G19.

植物の生育は、病原微生物あるいは共生微生物との相互作用により大きく影響を受ける。本グループでは、いくつかの選択された系でそれらの相互作用を分子、細胞、個体レベルで解析している。以下に本年の成果を記す。

1. 菌類で発見されたマイナス鎖 RNA ウイルス

菌類ウイルスは主な菌類のグループ（子のう菌、担子菌等）で広く見つかる。これまで発見・性格付けが行われた菌類ウイルスは2つのグループ、2本鎖(ds)RNAをゲノムに持つウイルスとポジティブ（ゲノム RNA に ORF が存在）1本鎖(+)ss)RNAをゲノムにもつウイルスに大別される。最近の大規模な植物病原糸状菌からのウイルスの探索により、これらグループに加え、ssDNAウイルスも2010年に報告された。しかし、他の界の宿主（動物、植物）で数多く報告されている(-)（ゲノム相補鎖に ORF が存在）ss)RNAウイルスは菌類から未報告であった。本研究では、(-)ss)RNAウイルスが植物病原糸状菌に感染している（た）ことを示す結果を2つ得た。1つ目は、代表的なマイナス鎖 RNA ウイルスの配列を用いたデータベース検索を結果、(-)ss)RNAウイルスの類似配列が、植物病原糸状菌であるエンドウうどんこ病菌 (*Erysiphe pisi*) の whole-genome shotgun コンテグ配列上に見つかった。このウイルス様配列は非分節型の(-)ss)RNAウイルス（モノネガウイルス目）がコードする複製酵素(L)の一部領域に相同性を示したことから、EpMLLS (*Erysiphe pisi* mononegavirus L-like sequence) と名付けた。これらの配列断片はうどんこ病菌ゲノム DNA から PCR で増幅され、本菌の宿主植物であるエンドウ (*Pisum sativum*) のゲノム DNA では増幅されないことから、菌ゲノム由来の配列、すなわち古代(-)ss)RNAウイルスの化石配列)と確認された。2つ目は、芝類の病原子のう菌である *Sclerotinia homoeocarpa* では、L 遺伝子全域をカバーする 7.7 千~9.8 千塩基の transcriptome shotgun アッセムブリ (TSA) 配列が存在した。L タンパク質の RdRp コア領域を用いた分子系統解析では、EpMLLS ならびに TSA 配列は現在のモノネガウイルス種とは明らかに異なるクレードを共に形成した。以上から、菌類ゲノムにマイナス鎖 RNA ウイルスの化石配列情報の存在が確認され、さらにウイルス様転写物の存在は現存するマイナス鎖 RNA ウイルスの感染を強く示唆した。

2. 植物共生メタノール資化性菌の多様性と植物生長への影響

植物は地球上で年間1億トンに達するメタノールを放出しており、植物の表面にはこのメタノールを資化する *Methylobacterium* 属細菌が多く存在する。本属細菌には植物の生育促進作用があることが知られているが、菌と植物との種レベルでの相互作用の特異性は分かっていない。そこで多くの植物種から多様な本属細菌を分離し、微生物同定の最新手法である質量分析器を用いた同定を行い、本属細菌の詳細な分類と植物との相互作用特異性を解析し、新種の菌 *M. oxalidis* と *M. gnaphalii* について新種提唱した。また生育促進効果の高い菌をスクリーニングし、そのゲノム配列を解析し、生育促進効果に関わる遺伝子の同定を行っている。さらに、本属細菌がメタノール生育時に合成する化合物に、植物の気孔を開く活性があることを発見した。現在この生物学的な意義を検討中である。

Plant growth is influenced by various microorganisms including mutualistic and pathogenic ones. Our group explores, at molecular, cellular and individual levels, the interplays of mutualistic and pathogenic microorganisms occurring in some selected plant/microorganism systems.

1. Evidence for negative-strand RNA virus infection in fungi.

Fungal viruses comprise two groups: a major group of five families with double-stranded RNA genomes and a minor group with positive-sense single-stranded (ss) RNA genomes. Although many fungal viruses have been identified, no negative-stranded (-)ssRNA mycoviruses have been reported. Here we present two lines of evidence suggesting the presence of (-)ssRNA viruses in filamentous fungi based on an exhaustive search using extant (-)ssRNA viruses as queries. This revealed (-)ssRNA virus L protein-like sequences in the genome of a phytopathogenic obligate ascomycete, *Erysiphe pisi*, designated as EpMLLS (*E. pisi* mononegavirus L-like sequence). A similar search for (-)ssRNA viruses in fungal transcriptome shotgun assembly libraries demonstrated that two independent libraries from *Sclerotinia homoeocarpa*, another phytopathogenic ascomycete, contained several sequences considered to correspond to the entire mononegavirus L gene and likely originating from an infecting (-)ssRNA virus. The sequences were termed ShTAS-L (*S. homoeocarpa* transcriptome shotgun assembly L-like sequence). Phylogenetic analysis based on amino acid alignment of their L and L protein-like sequences placed EpMLLSs and ShTAS-Ls into a distinct clade from other (-)ssRNA viruses within the Mononegavirales (four families Bornaviridae, Filoviridae, Paramyxoviridae and Rhabdoviridae and the proposed genus Nyavirus) with undivided genomes. These results provide strong evidence for both ancient and extant (-)ssRNA virus infections in fungi. This study provides an interesting insight into the taxonomy of mononegaviruses.

2. Diversity of methylotrophs symbiotic to plants and their effect on plant growth.

Plants emit methanol, the amount of which reaches as much as 100 million tons annually. There are many bacteria that assimilate methanol on the plant surface, including *Methylobacterium* species as one of the most predominant species. Although it is known that they are capable of promoting plant growth, the species-species specificity of interaction between them and plants is not well understood. We isolated up to one thousand *Methylobacterium* strains from various plants, and we have investigated plant/bacteria interaction profiles using a high-throughput bacterial identification method, which utilizes MALDI-TOF/MS. We found a number of new species, and proposed *M. oxalidis* and *M. gnaphalii* as novel species. We have also been screening for strains that have strong plant-growth promoting ability for important crops. We are now investigating the genes involved in plant growth promotion, using the genome sequence of a candidate strain. Furthermore, we have found that compounds that methanol-grown *Methylobacterium* sp. synthesizes are able to enhance plant stomatal opening. Investigation of the biological significance of the phenomenon is underway.

我々は2つの課題に取り組んでいる。(1)イネの植食性昆虫に対する防御における植物ホルモン、遺伝子、代謝物の役割、(2)殺虫剤抵抗性管理と天敵保護に基づく総合的害虫管理。本年度の研究の成果は以下の通りである。

1.1. イネ害虫の解析

我々は咀嚼性および吸汁性昆虫イネ害虫4種を維持している。咀嚼性昆虫の口腔分泌物を採取し人工的に植物の傷口に投与するシステムを開発した。このシステムをイネにおけるホルモン、代謝物、遺伝子発現の変化の解析に利用した。

1.2. ホルモンおよび代謝物の変化

我々はイネの傷口へ口腔分泌物を投与すると高いレベルの植物防御ホルモン（ジャスモン酸と jasmonoyl-L-isoleucine）が誘導されることを見出した。このことは口腔分泌物中にはエリシターが含まれていることを示唆する。同様に、口腔分泌物を処理されたイネ葉は、より多くの防御代謝物を蓄積することによって植食性昆虫に対処していることも見出した。昆虫由来のエリシターおよびイネの受容体の単離、同定が今後の課題である。

1.3. 植食性昆虫に応答する遺伝子の検出

我々はマイクロアレイ解析を行い、傷処理および口腔分泌物処理によって誘導される多数の遺伝子を検出した。速やかに誘導され、イネの防御遺伝子を制御すると考えられるいくつかの転写因子について現在解析中である。

2.1. 害虫の殺虫剤抵抗性機構の解析

殺虫剤抵抗性害虫の発生が農業生産の現場において大きな問題になっている。殺虫剤抵抗性機構を解明することは害虫管理において非常に重要である。我々はアブラナ科作物の害虫であるコナガのピレスロイド剤抵抗性に関わるナトリウムチャネルのアミノ酸変異の頻度を日本、中国、タイの系統を用いて明らかにした。また、果菜類の害虫であるミナミキイロアザミウマのピレスロイド剤抵抗性にはナトリウムチャネルのアミノ酸変異による感受性の低下とチトクローム P450 による解毒分解酵素活性の増大の両方が関与していることを明らかにした。

2.2. 草刈がモモ圃場の昆虫相に及ぼす影響の解析

草刈は野外に生息する昆虫類に大きな影響を及ぼす攪乱要因であるが、具体的な影響について調べられたことはなかった。我々はモモ圃場においてピットホールトラップを用いて草刈前後の昆虫相を調べ、種数と個体数は除草後5日目まで増加し、その後除草前の水準に戻ることに、増加の主要因はアリとオサムシであることを明らかにした。

2.3. LED と水盤トラップを用いたキノコバエの誘殺トラップの開発

シイタケ栽培施設におけるキノコバエの大発生が問題になっているが、有効な殺虫剤は登録されていない。我々はキノコバエの誘殺に有効な水盤トラップの開発を目指しており、これまでにキノコバエは紫外線 LED に誘引されること、水盤トラップへの界面活性剤添加がキノコバエ、特にクロバネキノコバエ類の誘殺に有用であることを明らかにした。

We have been focusing on two main topics: (1) the role of plant hormones, genes and metabolites in defense of rice against insect herbivores, and (2) integrated pest management (IPM) using insecticides as well as natural enemies. Our results include:

1.1. Characterization of rice herbivores

We maintain the cultures of four insect herbivores of rice, including chewing and sucking insects. For chewing herbivores, we developed an artificial system to collect oral secretions (OS) and apply them to plant wounds. This system was utilized to analyze hormonal, metabolic and genetic changes in rice.

1.2. Determination of hormonal and metabolic changes

We found that the presence of OS in wounds of rice induces higher levels of plant defense hormones jasmonic acid and jasmonoyl-L-isoleucine, suggesting that an active insect elicitor was present in OS. Similarly, leaves treated with OS accumulated more defense metabolites compared to control leaves, further corroborating the ability of rice to respond to herbivore presence. Our next focus is on isolation and identification of insect elicitors and their receptors in rice.

1.3. Identification of herbivory-responsive genes

We performed a microarray experiment and identified a large number of genes induced by wounding and treatment with insect elicitors (OS). Several transcription factors which are rapidly induced and may regulate rice defense genes are now under investigation.

2.1. Analyses of insecticide resistance mechanisms

Insecticides are used as a principal means of protecting crops. Therefore, basic knowledge of insecticide resistance is one of the most important subjects related to crop protection. We showed that frequencies of the amino acid mutations in the sodium channel are involved in pyrethroid resistance of the diamondback moth (*Plutella xylostella*) obtained from China, Thailand, and Japan during 2009–2011. We also found that pyrethroid resistance of the melon thrips (*Thrips palmi*) is conferred by both, reduced sensitivity of the sodium channel and cytochrome P450 mediated detoxification.

2.2. Effects of mowing on insect communities in Japanese peach orchards

Mowing is one of the most common disturbances to invertebrates in the field including fruit orchards. However, almost no information exists on impact of mowing on the insects. We examined the effects of mowing on population dynamics and community structure of insects in peach orchards using pitfall traps. Our results showed that species richness and trap catches increased up to 5 days after mowing, and then return to their original levels. Increased species richness and trap catches were mainly attributable to the increase of ants and carabids.

2.3. Development of water-pan traps with LED to control mushroom flies

Because no insecticides are registered in the sawdust-based cultivation of shiitake, *Lentinula edodes*, we are aiming to develop a water-pan trap system to control mushroom fly pests. We found that mushroom flies are attracted to ultraviolet LED, and that the addition of surfactant on the water-pan trap is useful for efficient capture of flies, especially for Sciaridae.

遺伝資源ユニット

ゲノム多様性グループ

ゲノム多様性グループでは、実験系等を含む栽培オオムギ約 14,000 系統と野生オオムギ約 600 系統を保有し、(1)種子の増殖、遺伝的多様性の評価、(2)特性データのデータベース化、種子配布等の系統保存事業、(3)ゲノム解析の諸手法を使ったオオムギ遺伝資源の機能開発に関する研究に取り組んでいる。

1. オオムギ遺伝資源の評価

(a) 休眠性の QTL 解析

穂発芽性の育種的な対応の一つとしての利用が期待されるオオムギの休眠性の遺伝解析を目的とし、染色体組換置換系統 (RCSL) に由来する大規模分離集団を用いて 5HL 染色体上の QTL(*Qsd1*) の遺伝子候補を同定した。現在この遺伝子の形質転換および機能解析を行っている。

(b) 播性程度の種内変異

栽培オオムギ 5,214 系統の播性程度低温要求度 (播性程度) について、起源中心である中近東を境に栽培オオムギの播性程度は、東西で大きく分化していることを見出した。これら知見から、栽培オオムギは伝播の過程で多様な播性程度を持つ系統群を分化させたことが示唆された。

2. オオムギリソースの分譲・配布

ナショナルバイオリソースプロジェクトによってオオムギ種子、cDNA、BAC ライブラリーの配布事業を担っている。

(a) 系統種子の配布

在来系統を中心とするオオムギ種子の配布を行った。

(b) cDNA クローンの配布

独自に開発したオオムギ EST および完全長 cDNA への国内外からのリクエストに対しての分譲業務を実施している。

(c) BAC クローンおよびライブラリーの分譲

独自に作製した国産の醸造用オオムギ品種「はるな二条」を材料として作製した BAC ライブラリーの各クローン、選抜用プール DNA、高密度フィルターおよびライブラリーの全クローンセットについて、国内外の研究者のリクエストに応じて分譲した。

3. オオムギのゲノム解析

いくつかの研究資金を受けて国際オオムギゲノムシーケンシングコンソーシアム (IBGSC) に参画して、オオムギゲノムの物理地図、遺伝地図を統合・整列し、オオムギゲノム配列における遺伝子領域の構造と機能を公表した。現在、これまでに開発した全長 cDNA リソース情報を統合したゲノムアノテーションを進めている。

(Genetic Resources Unit)

Group of Genome Diversity

We have preserved ca. 14,000 accessions of cultivated barley including experimental lines and ca. 600 accessions of wild relatives. The subjects of our research are (1) evaluation of genetic diversity and characteristics, construction of the barley resource database and sample distribution to the users worldwide, (2) collection and preservation of barley germplasm and (3) efficient use of the resources for genome analysis including expressed sequence tag (EST), molecular markers and DNA libraries to study the genome-based barley diversity and the genetic analysis of important traits in barley.

1. Evaluation of barley genetic resources

(a) Quantitative trait locus (QTL) analysis of barley seed dormancy

A candidate of barley seed dormancy QTL (*Qsd1*) on the long arm of chromosome 5H, which may be associated with pre-harvest sprouting in small grains including barley, was identified using a large segregating population derived from recombinant chromosome substitution lines (RCSL). The transformation and functional analysis of this candidate are underway.

(b) Natural variation of barley vernalization requirement.

We analyzed the natural variation and geographic distribution of vernalization requirements using 5,214 barley accessions collected worldwide. We revealed the biased geographic distribution pattern of vernalization requirements in an entire collection of domesticated barley. This evidence implied that the barley accessions might be a genetically differentiated groups derived for an evolutionary reason, resulting in adapting to the local climatic conditions.

2. Collection and distribution of barley resources

In addition to seed samples, cDNA and bacterial artificial chromosome (BAC) clones (including individual clones, pooled BAC DNA for screening, high-density replica membranes and complete clone set of barley) were distributed with the support of the National BioResource Project (NBRP).

3. Barley genome analysis

We have been participating in The International Barley Sequencing Consortium to sequence barley genome with financial support from several sources, and have published an integrated and ordered physical, genetic and functional sequence resource that describes the barley gene-space in a structured whole-genome context. We are annotating the barley genome sequence with comprehensive full length cDNA resources.

本グループではオオムギおよびコムギの種子成分に関わる遺伝子の機能について個体レベルから遺伝子レベルで解析している。今年度の研究成果の概要は以下の通りである。

1. オオムギの短芒遺伝子 *lks2* の単離と解析

芒はイネ科に固有の器官で小穂の外穎の先端部が伸長したものとされ、種子の散布や埋土および光合成に重要な役割を担う。オオムギは一般に長芒を有するが、短芒変種もある。自然変異由来の短芒遺伝子 *lks2* は芒を約 50% 短縮する作用を持ち、分布は東アジアに限られる。ポジショナルクローニングにより、*Lks2* は *SHORT INTERNODES (SHI)*-ファミリー転写因子であることを明らかにした。対立性検定から、*lks2* は *unbranched style 4 (ubs4)* および *breviaristatum-d (ari-d)* と同座であるが、後二者では芒長と雌ずい毛が極端に減少する。*Lks2* 座の人為突然変異体 25 系統全てが *SHI* 遺伝子内に突然変異を有していた。*Lks2* は芒および雌ずいで強く発現していた。芒の組織学的観察から、*lks2* は細胞数の減少のため芒長が短縮していた。自然突然変異によって生じた *lks2* は 3 タイプに分類されたが、いずれのタイプも IGGH ドメイン内の 245 番目のアミノ酸をプロリンからロイシンに変化させる一塩基多型を共通に持ち、このために、人為的に誘発された 25 変異アレルに比べて、芒と雌ずいの柱頭毛に与える悪影響が少ない有用アレルになったとみられた。中国以東とヒマラヤでみられた自然発生 *lks2* アレルの間には 6 箇所も塩基配列が異なることから、両者は独立起源と思われる。本研究の結果から、*lks2* は降雨の多い東アジア地域への適応に有利であったことが示唆される。

2. オオムギのプロアントシアニジンの合成に関わる *Ant28* 遺伝子の単離と種子休眠への影響

オオムギではビールの濁りや品質低下を引き起こすプロアントシアニジンを低減する目的で突然変異原処理によりアントシアニンまたはプロアントシアニジンを欠く突然変異体 (*ant*) が 30 遺伝子座も誘発されている。しかし、遺伝子が特定されたのは一部のみである。本研究ではコムギの穀粒色を決定する *R-1* 遺伝子の有力な候補遺伝子である *Tamyb10* の配列を参考に、オオムギのオーソログを PCR で単離した。オオムギで誘発された *ant28* 突然変異体の *Hvmyb10* をシーケンスしたところ、全 6 系統で非同義置換がみつかった。さらに、*ant28-494* とスカイゴールドの F2 でマッピングを行ったところ、*ant28-494* と *Hvmyb10* は共分離し、3H 染色体長腕末端部に位置した。これらの結果から、*Ant28* は *Hvmyb10* (R2R3 MYB ドメインタンパク) をコードし、コムギの *Tamyb10* が粒色決定に働くことが立証された。オオムギの *ant28* 突然変異体は穀粒を炊飯したときに褐変しない利点はあるものの、原品種に比べて種子休眠性が低下する。本研究から、*Hvmyb10* がオオムギの種子休眠を支配する鍵因子であることが示された。

Our group has been conducting molecular genetic analysis of mutants in wheat and barley paying special attention to plant morphology and grain quality. Our main achievements during 2012 are described below.

1. Molecular cloning and characterization of the short awn 2 gene in barley

The awn, an apical extension from the lemma of the spikelet, plays important roles in seed dispersal, burial, and photosynthesis. Barley typically has long awns, but short awn variants exist. The short awn 2 (*lks2*) gene, which produces awns of about 50% shorter, is a natural variant that is restricted to Eastern Asia. Positional cloning revealed that *Lks2* encodes a *SHI*-family transcription factor. Allelism tests showed that *lks2* is allelic to *unbranched style 4 (ubs4)* and *breviaristatum-d (ari-d)*, for which phenotypes are very short awn and sparse stigma hairs. The gene identity was validated by 25 mutant alleles with lesions in the *Lks2* gene. *Lks2* is highly expressed in awns and pistils. Histological observations of longitudinal awn sections showed that *lks2* short awn results from reduced cell number. Natural variants of *lks2* were classified into three types, but all shared an SNP that causes a proline-to-leucine change at position 245 in the IGGH domain. All three *lks2* natural variants are regarded as weak alleles because their awn and pistil phenotypes are mild compared with those of the 25 mutant alleles. Natural variants of *lks2* found in the east of China and the Himalayas had considerably different sequences in the regions flanking the critical SNP, suggesting their independent origins.

2. *Ant28* gene for proanthocyanidin synthesis encoding the R2R3 MYB domain protein (Hvmyb10) highly affects grain dormancy in barley

A number of anthocyanin- and proanthocyanidin-free mutants (*ant* mutants) of barley were induced and selected because of breeding interest to reduce proanthocyanidins, which could cause haze and degrade the quality of beer. *Ant* loci, known as anthocyanin or proanthocyanidin synthesis genes, are classified into *Ant1* to *Ant30* through allelism tests. However, only the *Ant18* gene has been molecularly shown to encode dihydroflavonol 4-reductase (DFR), which is involved in both anthocyanin and proanthocyanidin synthesis. In this study, an *R2R3 MYB* gene of barley was isolated by PCR and named *Hvmyb10* due to its similarity to *Tamyb10* of wheat, which is a candidate for the *R-1* gene, a grain color regulator. The predicted amino acid sequences of *Hvmyb10* showed high similarity not only to *Tamyb10* but also to TT2, the proanthocyanidin regulator of Arabidopsis. Nonsynonymous nucleotide substitutions in the *Hvmyb10* gene were found in all six *ant28* mutants tested. Mapping showed that a polymorphism of *Hvmyb10* perfectly cosegregated with the *ant28* phenotype on the distal region of the long arm of chromosome 3H. These results demonstrate that *Ant28* encodes *Hvmyb10*, the R2R3 MYB domain protein that regulates proanthocyanidin accumulation in developing grains. The reduced grain dormancy of *ant28* mutants compared with those of the respective wild types indicates that *Hvmyb10* is a key factor in grain dormancy in barley.

本グループでは、野生植物の種子を、将来の応用的利用に役立つ遺伝資源として収集保存し、多様な野生種が持つ特性についての研究を行っている。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. イネ科デンプン粒の多様性に関する系統進化学的研究

イネ科植物の種子に見られる細胞内の貯蔵デンプン粒は、種ごと、あるいは属ごとに特有の形状を示すことが知られている。館岡（1962）は網羅的な観察によって、イネ科デンプン粒に複粒型、単粒型、単複混合型、二極性型の4つのタイプを認識した。光環境適応研究グループとの共同で、これらの情報をイネ科全体のDNA分子系統樹上でトレースしたところ、二極性以外の3つのタイプには属より大きな明瞭な系統的まとまりが見いだせなかったが、二極性とされている属は系統樹上でほぼ一つの系統群にまとまることが分かった。また、この系統群に含まれるイヌムギ属、オオムギ属、コムギ属について、当研究所が保存する冷凍種子を用いてデンプン粒の形状を観察したところ、オオムギ属とコムギ属では種間に形状の差が見られなかったが、イヌムギ属では著しい種間の差異が見られ、イヌムギ属には新規のデンプン粒型も見つかった。このことは、これまで不明であったデンプン粒多型の進化的意義や進化メカニズムの研究が、（オオムギ属やコムギ属とも比較的近縁な）イヌムギ属内の近縁種群を用いて可能になるかも知れないことを意味する。

2. 自然林を利用した植物園の保全生物学的意義に関する研究

大阪府の生駒山系北部に位置する大学附属植物園で、野生高等植物の多様性調査を行い、採集した標本に基づいて目録を作成した。また、この調査の50年前に報告された同じ調査区域での野生植物目録と比較することによって変化を明らかにすると共に、国土地理院の航空写真から、調査区域の環境の変化を追跡した。約25haの調査区に見られたシダ植物と種子植物は約450分類群であり、周辺地域と比べても豊富であることが分かった。その一方、50年前と比較すると湿地性の希少種の多くが消滅し、帰化植物の増加が著しく、林床性のシダ植物の増加が著しいことが分かった。航空写真や現地調査から、調査区内にあった棚田が埋め立てられて人為的な明るいシバ草地となり、過度の利用ではげ山化していた部分が森林へ遷移したことが分かり、植物相の変化を裏付けるものであった。新確認の在来野生種は約200種にのぼり、調査区内は原生的自然とはかけ離れているものの、植生管理が多様な環境を作り、それぞれ適応した種が棲み分けることで植物の多様性が生まれており、里山管理と似た効果があることが分かった。（出版準備中）

3. 野生植物を利用した放射能汚染農地の回復に関する研究

東日本大震災により放射能汚染を受けた農地の除染に、耕地雑草を利用したいと考え、植物成長制御グループおよび医学部と共同で様々な雑草種を採取して放射性物質の吸収率を測定し、吸収効率が高く生育の旺盛な雑草種を探索している。調査地は福島県飯館村の耕地4ヶ所で、飯館村役場と地主の方々の了解を得て、福島県農業総合研究センターと連絡をとりつつ研究を進めている。

Our group has been preserving wild plant seeds as potential resources for practical use and has been studying the features of various wild plant species. Our main achievements during 2012 are described below.

1. A study on the diversity and evolution of starch grains in Poaceae

Starch forms transparent grains, referred to as starch grains (SGs), in amyloplasts. Despite the simple glucose polymer composition of starch, SGs exhibit different morphologies depending on plant species, especially in the endosperm of the family Poaceae. In previous comprehensive work, SG morphologies of Poaceae endosperm were classified into four types: compound grains, bimodal simple grains, uniform simple grains, and a mixed configuration comprised of compound and simple grains. Despite these observations, the phylogenetic relationships among the SG types remained unclear. In this report, we analyzed the previous observations with respect to current knowledge of the molecular phylogeny of Poaceae to determine how SG morphological types are clustered and scattered in the phylogenetic tree. We also obtained clear images of SGs of 26 species belonging to the four genera *Hordeum*, *Elymus*, *Triticum*, and *Bromus*. Previously published work indicated that the SG morphology of these genera was clustered in the phylogenetic tree and was specific for the bimodal simple grain type. However, we identified novel morphological types of SGs within *Bromus* in addition to the known bimodal simple grain type. Further molecular phylogenetic analysis and studies on the remarkable intrageneric variation found in this study will provide more information on the SG morphological diversity.

2. Role of a botanical garden with secondary forests for preserving biodiversity

At the Botanical Garden of Osaka City University situated in northeast Osaka, an interdisciplinary research project was conducted. We made a list of the wild vascular plants of the botanical garden (ca. 25ha) based on our field collections in the project. A comparison between the list and the previous list reported on 1960 at same area revealed some changes in the flora during the last 50 years: (1) most of the previously reported rare species adapting to wetlands were not reconfirmed at present survey, (2) many naturalized plant species newly invaded, and (3) many fern species adapting to forest floor were newly found. These changes probably correlated with the artificial vegetation change and forest succession revealed by our inspection and previous aerial photographs.

The present survey recorded ca.450 wild vascular plants within the secondary vegetation of 25ha, and 200 native species including many rare species were newly recorded among them. The species diversity in this botanical garden was probably caused by constant maintenance of vegetation making various environments similar to "satoyama."

3. A study on the phytoremediation of agricultural lands polluted by radioactive isotopes using weeds

Collaborating with the Group of Plant Growth Regulation and Faculty of Medicine, various weed species have been tested on absorbing activity of radioactive isotopes, mainly ^{134}Cs and ^{137}Cs . The weed samples were collected from agricultural lands in Iitate village (Fukushima Prefecture) which was highly polluted with radioactive isotopes after the nuclear power plant accident caused by the east Japan earthquake disaster.

本研究グループでは、植物を主たる材料として、核および染色体の構造と機能に関する分子細胞学および分子遺伝学的研究を行っている。現在は主として、植物の染色体機能要素（セントロメア、テロメア、複製起点）の構造解析を行っており、植物人工染色体の創出を目指している。今年度の研究成果の一部は以下の通りである。

1. シロイヌナズナ環状ミニ染色体の創出

真核生物の染色体は一般的に線状であるが、環状の染色体が出現することがある。このような環状染色体は、酵母から動植物に至るまで広く見つかっているが、多くは不安定で次代に伝達されない。しかし、我々は、シロイヌナズナの環状ミニ染色体が、安定に減数分裂を経て次代に伝達されることを発見した。この安定化機構を解析するために、今回我々は、Ac-Ds 及び Cre-*LoxP* システムを組み合わせることで新たな環状ミニ染色体を創出した。この環状ミニ染色体 ARC1 は、2.85 Mb のサイズしかなく、ほとんどの場合一動原体型として存続する。この ARC1 には、*LoxP* と呼ばれる 34 塩基対の特異的 DNA 配列を 1 カ所に含むことから、植物人工染色体としての利用が考えられる。

2. タバコ動原体特異的 DNA の解析

動原体は、細胞分裂時に染色分体を娘細胞へ均等に配分するために必須である。その機能は、酵母から動物、植物に至るまで保存的であるのに対して、動原体領域に存在し、その機能と関連する DNA は、ごく近縁な種の間でも異なることが知られている。タバコは、長鎖 DNA を形質転換できることから、人工染色体構築のためのモデル植物となる可能性を秘めている。しかし、人工染色体構築およびその解析に必須である動原体 DNA 配列および動原体タンパク質の解析は、これまで全く行われていなかった。そこで、我々は、人工染色体構築のために、タバコの動原体特異的タンパク質および DNA の解析を行っている。本年度は、HaloTag 融合 NtCENH3（タバコ動原体特異的ヒストン H3）を用いたクロマチンアフニティー精製により、新たに 3 種の染色体特異的動原体 DNA を単離した。これらの結果より、タバコ動原体 DNA はモザイク構造をもつことが明らかになった。

3. ネギ属動原体の解析

タマネギは、その染色体観察の容易さから世界各国で細胞遺伝学実験の材料として用いられてきた。しかしながら、タマネギではセントロメアを識別できるマーカーが特定されていないことから、教科書中の植物細胞分裂に関する記述も動物のそれに比べて不十分であった。最近、我々の研究グループはネギ属植物 4 種（ネギ、タマネギ、ニラおよびニンニク）の CENH3（セントロメア特異的ヒストン H3）をコードする cDNA を同定し、ネギ CENH3 の推定アミノ酸配列からペプチド抗体を作成した。この抗体と抗チューブリン抗体を用いたタマネギの根切片に対する組織免疫染色を行い、共焦点レーザー顕微鏡により Z 軸切片画像を得た。これらの画像をもとに 3 次元画像を構築したところ、タマネギの細胞分裂の各時期の細胞の立体構造を明確に可視化することができた。また、この抗体を利用したクロマチン免疫沈降により、ネギのセントロメア DNA を世界で初めて単離することに成功した。

Our research group has been conducting molecular studies on the structures and functions of nuclei and chromosomes, mainly in plants. Our current goal is to construct plant artificial chromosomes by analyzing chromosome functional elements; centromeres, telomeres and replication origins. Our main achievements in 2012 are described below.

1. Generation of ring minichromosomes in *Arabidopsis thaliana*

The chromosomes of eukaryotes are generally linear, but ring-shaped chromosomes have occasionally appeared in a wide range of organisms from yeasts to animals and plants. Most of the ring chromosomes are unstable and not transmissible to the next generation. However, we found that in *Arabidopsis* ring chromosomes were relatively stable. To elucidate the mechanisms underlying the stability, we attempted to generate new artificial ring chromosomes by the Ac-Ds and Cre-*LoxP* systems. The generated ring minichromosome ARC1, was 2.85 Mb in size, having monocentric structure. Since ARC1 contains a *LoxP* site, consisting of a specific 34-bp sequence, it could be used as an artificial chromosome vector in plants.

2. Analysis of centromere-specific DNA sequences in tobacco

Centromeres play an important role in segregating chromatids into daughter cells at mitosis and meiosis. Though the centromere function is conserved among all eukaryotes including yeasts, animals and plants, centromeric DNA sequences involved in the centromere function are diverged among closely related species. Since long DNA can be transformed into tobacco, tobacco has a potential to be a model plant for artificial chromosomes construction. However, centromeric DNA and proteins which are necessary to construct and characterize artificial chromosomes had not been investigated in tobacco. Hence, we have been characterizing centromere specific proteins and DNA sequences. This year, we identified three novel chromosome-specific centromeric DNA sequences from tobacco using HaloTag fused NtCENH3, centromere specific histone H3 variants in tobacco. The discovery of three chromosome-specific centromeric DNA sequences indicates the mosaic structure of tobacco centromeres.

3. Analysis of kinetochores in *Allium* species

Allium species including onion have been used as materials of cytogenetic experiments in the world because of the ease of the chromosome observation. However, since markers which can specify kinetochores have not been identified yet in *Allium* species, cell divisions in plants are not described in details compared with these in animals. Recently, we identified cDNAs encoding CENH3 (centromere-specific histone H3) in four *Allium* species (welsh onion, onion, garlic chive and garlic), and produced a peptide antibody from a deduced amino-acid sequence of CENH3. Using this antibody and anti-tubulin antibody, we conducted an immunohistochemical analysis of onion root slices, and obtained Z-axis section pictures using a confocal-laser scanning microscope. Three-dimensional (3D) images built from these pictures could visualize clearly the 3D structure of onion dividing cells in each phase of the cell-cycle. Utilizing the antibody, in addition, we succeeded in isolating the centromeric-DNA sequences from welsh onion by chromatin immunoprecipitation.

本グループでは、トランスポゾンタギング系統の利用や野生種の遺伝子による効率的な食料生産のために必要な遺伝要因の解明および種子成熟に係わる遺伝子発現制御機構の解明を目的とする。

1. コシヒカリ *nDart1* タグラインの育成

イネ遺伝子の効率的機能解析と利用のために、内在性トランスポゾン *nDart1* を導入したコシヒカリのタグラインを育成した。本年度は、穂別 3,061 系統を栽培し、幼苗期、移植後、出穂期および成熟期において形質調査を行った。その結果、1,373 系統で何らかの変異が認められ、その頻度は 44.9% であった。コシヒカリ *nDart1* タグラインを耐塩性選抜にも用い、1 次スクリーニングで約 70 個体を選抜した。

2. 低投入適応型 (LIA) イネの開発

21 世紀の農業では環境との調和を計ることが重要である。アフリカの野生イネ、*Oryza longistaminata* と日本型 T-65 との交雑後代で、無施肥水田で大きなバイオマスを示す系統を選抜してきた。この選抜系統と農林 18 号を交雑した F2 での生育旺盛性に係わる形質の QTL 解析を行った結果、選抜系統が有する第 3、5、6、8、9、10 および 11 染色体に重要な QTL を検出した。

3. 種子休眠制御 QTL である *DOG1* のコムギオーソログの解析

DOG1 は種子休眠性を制御する QTL としてシロイヌナズナにおいて同定された遺伝子である。シロイヌナズナでは種子成熟の制御因子である *LEC2* が *DOG1* の発現を制御することが明らかとなっている。*TaDOG1* はコムギにおけるオーソログで、この遺伝子の発現量はコムギ品種における種子休眠性の変異と有意な相関を示した。一方で、*LEC2* のコムギオーソログである *TaLTL1* の発現は品種変異との相関が低かった。コムギにおける *TaDOG1* の発現制御には、*TaLTL1* だけでなく他の要因も関わる可能性がある。

4. 種子で発現するオオムギ TIP による水輸送活性の調節

種子の発達と乾燥に関わる細胞内水環境を調べるため、オオムギから液胞膜型アクアポリン (tonoplast intrinsic protein, TIP) を単離し、解析を行った。種子で発現する TIP のうち、HvTIP1;2、HvTIP2;1 は水輸送活性を示すが、HvTIP3;1 は水輸送活性を示さなかった。しかしながら、HvTIP3;1 は他のアクアポリン分子種との相互作用し、水輸送活性の調節を行っている可能性が示唆された。

5. イネ科野生植物の金属及び酸化ストレス耐性機構に関する解析

メリケンカルカヤの高い Al ストレス耐性機構について新たに解析した結果、1) クエン酸等の有機酸の生成と分泌による根での Al 吸収抑制や無毒化、2) Al 処理による NO の生成誘導とそれをシグナル伝達物質とした抗酸化酵素やポリフェノール類の発現が明らかになった。またこの植物由来の ABC transporter 遺伝子と S-adenosyl methionine synthase (SAMS) 遺伝子をシロイヌナズナに導入した形質転換体は、Al、Cu、Zn diamide に耐性を示し、多種耐性機構へのこれらの遺伝子の関与が示唆された。

Our group has been studying the genetic factors necessary for increasing food production by using transposon-tagging lines and genes from wild species, and also on the genetic regulatory mechanism of seed maturation.

1. Development of *nDart1*-0-tagged lines with the genetic background of Koshihikari

In order to efficiently analyze the function of rice genes, we developed *nDart1*-tagged lines of Koshihikari. This year, 3,061 panicle-row lines were grown and several phenotypes were surveyed at seedling, post-transplanting, heading and matured stages. Out of 3,061 lines, 1,373 lines showed mutant phenotypes and the frequency of mutant lines was 44.9%. These tagged lines were used for selection of salt-tolerant lines and ca.70 tolerant plants were selected by primary screening.

2. Breeding of Low Input-Adaptable (LIA) rice

In the 21st century, agriculture should be in harmony with the environment. We selected the progeny showing large biomass under non-fertilized paddy field from the cross between *Oryza longistaminata*, African wild species, and T-65, japonica rice. In order to reveal the genetic factors for large biomass production under non-fertilized conditions, quantitative trait locus (QTL) analysis of a large biomass character in the F2 of the cross between the selected plant and No.18 was conducted, revealing that important QTLs were located on chromosomes 3,5,6,8,9,10 and 11.

3. Analysis of the wheat ortholog of *DOG1* identified as a QTL for controlling seed dormancy

DOG1 has been identified as a QTL for controlling seed dormancy in Arabidopsis. Master regulator of seed maturation, *LEC2*, regulates the expression of *DOG1*. *TaDOG1* is a wheat ortholog and the expression levels showed a significant correlation with the seed dormancy in cultivars showing different levels of seed dormancy. *TaLTL1* is a wheat ortholog of *LEC2*. The expression of *TaLTL1* had lower correlation with seed dormancy. Regulation of *TaDOG1* requires *TaLTL1* and/or other factors in wheat.

4. Control of the water transport activity of barley tonoplast intrinsic proteins (TIPs) expressed in seeds

To investigate the cellular water condition during the periods of seed development and seed desiccation, we isolated and analyzed Tonoplast type Aquaporins (tonoplast intrinsic proteins, TIPs) from barley. HvTIP1;2 and HvTIP2;1 expressed in seeds showed the water transport activity, while HvTIP3;1 alone did not. However, HvTIP3;1 showed interaction with other aquaporins, and it seems to control the water transport activity.

5. Tolerance mechanism against metal stresses and oxidative stress in poaceae wild plants

Andropogon virginicus L. is a wild plant which shows a high tolerance to Al stress. Synthesis and secretion of succinate and malate in root were induced by Al stress to suppress Al-uptake. Nitrogen monoxide (NO) was also induced by Al stress. NO may be a trigger of the induction of anti-peroxidation enzymes and poly-phenols. Furthermore, ABC transporter gene and S-adenosyl methionine synthase gene derived from *Andropogon* could confer multiple-tolerance to Al, Cu, Zn and diamide in Arabidopsis, suggesting a contribution to multiple tolerance.

次世代作物共同研究コア

萌芽的・学際的新展開グループ

赤潮は、日照・水温・栄養塩濃度などの条件が重なると爆発的に増殖する植物プランクトン数種からなるが、本グループは、このうちの大部分を占めているヘテロシグマの生物学的特性を解明することで、その増殖能・光合成能の制御機構を探ることを志している。また、並行して、ヘテロシグマ・アカシオウイルスの宿主内での増殖の分子生物学的解析を並行して行っている。

1. 赤潮原因藻ヘテロシグマのゲノム配列解析

ヘテロシグマの有機物生産力の特性を分子レベルで理解することを目指して、ヘテロシグマのゲノム配列を次世代シーケンシング法で解読中である。クローン化したヘテロシグマを入手し、DNAを精製後、次世代シーケンシング法を用いて、ゲノム配列を解析し、その配列を生物情報学的に解析している。

2. ヘテロシグマ・アカシオウイルスの宿主内での増殖の分子生物学的解析

ヘテロシグマに感染して殺藻するウイルスの一つとして、ヘテロシグマ・アカシオウイルス (HaV) があげられる。このウイルスは、二本鎖 DNA ウィルスで、DNA ポリメラーゼ B に属するポリメラーゼを持つが、この活性中心に相当する部分に、アミノ酸 220 残基ほどのインテイン配列が挿入されている。インテイン配列は、タンパク質の自己スプライシングを起こす配列として知られており、組換えタンパク質の作成などの応用目的に広く使用されているものの、その生物学的存在意義は未だ不明である。我々は、インテイン切り出しが、その配列を有する機能性タンパク質の活性調節を担っている可能性について分子生物学的研究を行っている。

国際的新展開グループ

本グループでは植物研と農学部教員が兼任となり、植物研の拠点研究領域である「植物遺伝資源・ストレス科学研究」を国際的に展開するためのネットワーク作り、国際交流を行う。平成 22~24 年度は、日本学術振興会のアジア・アフリカ学術基盤形成事業により「東アフリカにおける作物ストレス科学研究ネットワーク拠点形成と次世代作物の開発」が採択されており、この事業によりケニアおよび東アフリカ諸国との国際交流・共同研究を行った。

1. ケニア人研究者の受入れと共同研究

今年度は、ジョモケニアアッタ農工大学から大学院生 3 名を光環境適応研究グループ、植物成長制御グループ、植物・微生物相互作用グループに、ケニア農業研究所から 1 名をゲノム多様性グループに受入れ、2 ヶ月間、研究の指導や共同研究を行った。

2. 学術集会の開催

「IPSR ケニアデー 2012」を植物研にて開催し、口頭とポスターによる研究発表会、親睦会を行った。さらに、ジョモケニアアッタ農工大学（ナイロビ）で開催された 7th JKUAT CONFERENCE を共催し、サブテーマの 1 つとしてシンポジウム「Innovative Crop Stress Science for Sustainable Food Production」を開催した。本会議には約 300 名の参加者があり、岡山大学から 5 名の教員と 1 名の博士前期大学院生がシンポジウムに参加し、基調講演と成果発表を行った。本会議にはルワンダとタンザニアの研究者も招へいし今後の交流を検討した。

(Research Core for Future Crops)

Group of Innovative Research

Harmful algal bloom, or red tide, is consisted of several algal species that propagates dramatically under combination of certain conditions, such as water temperature, light intensity, and concentration of nutritional salts. We aim to elucidate the mechanism of fast propagation and photosynthesis of *Heterosigma*, that consists large part of the harmful algal bloom. We currently focus on sequencing *Heterosigma akashiwo* genome using next generation sequencing technology. At the same time, we are investigating the propagation mechanism of *Heterosigma akashiwo virus*.

1. Sequencing *Heterosigma akashiwo* genome using next generation sequencing technology

Full genome sequencing of *Heterosigma akashiwo* is currently underway. *Heterosigma akashiwo* was cloned, its total DNA was obtained and its sequence was read using next generation sequencing technology. The obtained sequence information is to be analyzed by bioinformatics approaches.

2. Analysis of propagation mechanism of *Heterosigma akashiwo virus*

Heterosigma akashiwo virus, (HaV) is one of the viruses that infect and kills *Heterosigma akashiwo*. It is a double stranded DNA virus, and possesses DNA polymerase B-type enzyme. Interestingly, the enzyme possesses approximately 220 amino acid-long 'intein' domain in the center of its catalytic domain. Intein is a motif that catalyzes self-splicing of the protein, thus has been widely utilized to express and purify recombinant proteins, but its biological significance is not clearly understood. We aim to demonstrate that the self-splicing of intein actually functions as a 'biological switch' to turn on the enzymatic activity of the host protein, HaV DNA polymerase B.

Group of International Collaboration

This group consists of concurrent faculty members from other groups, and aims in establishing an international hub and/or exchange programs on Plant Genetic Resources and Stress Science. The current running program is "Establishment of crop stress science network for increase of food production in eastern Africa", which is being conducted by Asia-Africa Science Platform Program (AASPP) from Japan Society for the Promotion of Science (JSPS).

1. Visiting program and international collaboration

We invited three researchers from Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology (JKUAT) to Plant Light Acclimation Research Group, Plant Growth Regulation Group, and Plant-Microbe Interaction Group, and one researcher from Kenya Agricultural Research Institute to Genome Diversity Group. During their stay at IPSR for two months, they learned advanced experimental skills in their disciplines and performed collaborative projects.

2. Meetings

To encourage an exchange between young researchers, we organized IPSR Kenya Day 2012 in October at IPSR, with fifteen oral and poster presentations. We also co-hosted 7th JKUAT Scientific, Technological and Industrialisation Conference held in JKUAT campus in November, where we organized one symposium under our sub-theme "Innovative Crop Stress Science for Sustainable Food Production". This conference had approximately 300 participants. Five faculty members and one graduate student from Okayama University attended the conference and presented plenary and research talks. At this conference, we invited two researchers from Rwanda and Tanzania under the support from AASPP, to promote future collaboration in other African countries.

構成員 (Staff)

植物ストレス科学共同研究コア

大気環境ストレスユニット

光環境適応研究グループ

教 授	坂 本 亘
助 教	松 島 良
特別契約職員 (助教)	加 藤 裕 介
特別契約職員 (助教)	張 林 剛
特別契約職員 (技術職員)	高 見 常 明 (24.6.1 ~)
非 常 勤 職 員	小童谷 利 恵
非 常 勤 職 員	小 田 知 里 (24.4.1 ~)
大学院・環 (博士後期 1 年)	Peter Kuria (24.10.1 ~)
大学院・環 (博士前期 1 年)	羽田野 和 美

細胞分子生化学グループ

准 教 授	杉 本 学
准 教 授	今 野 晴 義
非 常 勤 職 員	中 戸 孝 子
大学院・環 (博士後期 1 年)	田 中 小百合
大学院・自 (博士前期 2 年)	金 森 太治郎

環境応答機構研究グループ

教 授	平 山 隆 志
助 教	森 泉
技 術 職 員	松 浦 恭 和
非 常 勤 職 員	藤 井 美和子
非 常 勤 職 員	加 藤 美奈子 (24.4.1 ~)
非 常 勤 職 員	長谷川 千恵美 (24.9.1 ~)

土壌環境ストレスユニット

植物ストレス学グループ

教 授	馬 建 鋒
助 教	山 地 直 樹
技 術 職 員	力 石 早 苗
ウーマン・テニユア・トラック	三谷 (上野) 奈見季
特別契約職員 (助教)	柏 野 美 帆
特別契約職員 (助教)	横 正 健 剛 (24.4.1 ~)
特別契約職員 (助教)	鄧 鋒 林 (24.5.1 ~)
特別契約職員 (助教)	近 藤 勝 彦 (24.10.1 ~)
特別契約職員 (助教)	筒 井 友 和 (~ 24.4.30)
特別契約職員 (助教)	與那嶺 育 子 (~ 24.5.15)
特別契約職員 (助教)	久 家 德 之 (~ 24.9.19)
日本学術振興会	鄭 録 慶
外国人特別研究員	
日本学術振興会	夏 継 星
外国人特別研究員	
非 常 勤 研 究 員	森 田 明 美
非 常 勤 研 究 員	下 田 直 美 (~ 24.3.31)
非 常 勤 職 員	春 名 知 子
非 常 勤 職 員	関 本 綾 子 (24.4.16 ~)
非 常 勤 職 員	小見山 奈 緒 (24.5.1 ~)
非 常 勤 職 員	石 井 薫 (24.5.1 ~)
非 常 勤 職 員	平 松 和 恵 (~ 24.3.31)

非 常 勤 職 員	坂 本 史 子 (~ 24.5.31)
大学院・自 (博士後期 3 年)	陳 志 長
大学院・自 (博士後期 2 年)	佐々木 明 正

植物成長制御グループ

教 授	山 本 洋 子
助 教	佐々木 孝 行
技 術 職 員	泉 洋 平 (~ 24.3.31)
技 術 職 員	土 屋 善 幸 (24.8.1 ~)
非 常 勤 職 員	有 吉 美智代
非 常 勤 職 員	小 松 和 枝
非 常 勤 職 員	永 見 英 子 (~ 24.9.30)
非 常 勤 職 員	榎 本 敬 (24.4.26 ~)
大学院・自 (博士後期 3 年)	Sameeullah Muhammad
大学院・環 (博士前期 1 年)	荻 谷 耕 輝
研究所研究生	山 口 雪 子

分子生理機能解析グループ

准 教 授	且 原 真 木
助 教	柴 坂 三根夫
非 常 勤 研 究 員	篠 野 静 香
大学院・自 (博士前期 2 年)	信 清 裕 一
大学院・自 (博士前期 2 年)	石 塚 諒

環境生物ストレスユニット

植物・微生物相互作用グループ

教 授	鈴 木 信 弘
助 教	近 藤 秀 樹
助 教	谷 明 生
技 術 職 員	丸 山 和 之
特別契約職員 (助教)	千 葉 壮太郎
非 常 勤 職 員	柴 田 淳 子 (~ 24.4.30)
非 常 勤 職 員	藤 谷 良 子 (~ 24.3.31)
非 常 勤 職 員	小 原 有 策 (~ 24.3.23)
日本学術振興会	Ana Eusebio-Cope
外国人特別研究員	
外国人客員研究員	劉 升 学 (~ 24.8.31)
非 常 勤 研 究 員	Rossi Marika (24.1.16 ~ 4.30)
非 常 勤 研 究 員	久 野 晶 (24.4.1 ~)
特別契約職員 (助教)	Supyani (24.4.1 ~ 7.15)
特別契約職員 (助教)	Md.Iqbal Fark (24.4.1 ~ 7.15)
大学院・自 (博士後期 3 年)	田 中 徹 (~ 24.11.15)
大学院・自 (博士後期 3 年)	Lakha Salaipeth
大学院・自 (博士後期 3 年)	林 諭 昕 (~ 24.10.31)
非 常 勤 研 究 員	(24.11.1 ~)
大学院・環 (博士後期 1 年)	張 瑞 (24.10.9 ~)
大学院・自 (博士前期 2 年)	尾 島 今日子 (休学中)
大学院・自 (博士前期 2 年)	梅 林 絵 里
大学院・環 (博士前期 1 年)	川久保 真 吾

植物・昆虫間相互作用グループ

教 授	Ivan Galis
准 教 授	園 田 昌 司
技 術 職 員	山 下 優 子 (24.10.1 ~)

特別契約職員（助教） Kabir MD Alamgir
 非常勤職員 小原陽子
 非常勤職員 片岡洋子
 大学院・自（博士後期2年）包文学
 大学院・自（博士後期1年）David Wari
 大学院・環（博士前期1年）福元華織

大麦・野生植物資源研究センター

遺伝資源ユニット

ゲノム多様性グループ

教授 佐藤和広
 助教 吉田英哉
 助教 最相大輔
 助教 久野裕 (24.2.1～)
 技術職員 石井誠
 特別契約職員（助教） 山根美樹
 特別契約職員（助教） 山地奈美
 特別契約職員（助教） 元井由加
 非常勤職員 山田道子 (～24.3.31)
 非常勤職員 篠原真由美
 非常勤職員 三宅美智子
 非常勤職員 丸谷香織 (24.5.1～)

遺伝資源機能解析グループ

教授 武田真
 非常勤研究員 湯尾崇央
 非常勤研究員 氷見英子 (24.10.1～)
 非常勤職員 片山布美子 (24.10.9～)
 技術職員 山下優子 (～24.9.30)

野生植物グループ

助教 山下純
 非常勤職員 仁木葉子
 非常勤職員 小橋理絵子
 非常勤職員 河野幸世

ゲノム育種ユニット

核機能分子解析グループ

教授 村田稔
 准教授 長岐清孝
 助手 小倉豊
 技術職員 柏原壱成
 特別契約職員（助教） 柴田洋
 特別契約職員（助教） 藤本聡
 特別契約職員（助教） Naruemon Khemkladngoe
 特別契約職員 金谷麻加
 非常勤研究員 弘中明子

ゲノム制御グループ

教授 前川雅彦
 准教授 江崎文一
 助教 力石和英子
 助教 宇都木繁子

技術職員 西村秀希
 非常勤職員 東藍子
 研究生 氷見英子 (～24.9.30)
 大学院・自（博士前期2年）Emily Gichuhi Waringa

次世代作物共同研究コア

萌芽的・学際的新展開グループ

教授（兼任） 山本洋子
 助教 植木尚子

国際的新展開グループ

教授（兼任） 坂本亘
 教授（兼任） 前川雅彦
 教授（兼任） 山本洋子
 准教授（兼任） 且原真木生
 助教（兼任） 谷明生
 助教（兼任） 松島良
 教授（兼任、環境生命科学研究科） 久保康隆

事務部

事務 長 徳山久丈 (24.4.1～)
 事務 長 林崇史 (～24.3.31)
 主査 若田裕史
 主査 岩崎哲也
 主査 別府さちよ (24.4.1～)
 主査 稲村利恵 (～24.3.31)
 事務職員 河合雅臣 (24.4.1～)
 事務職員 石黒靖大 (～24.3.31)
 非常勤職員 室山由利子
 非常勤職員 黒原昌子
 非常勤職員 岡本里美
 非常勤職員 柳沢光江
 非常勤職員 桐山美幸
 非常勤職員 小野亜希子 (24.9.1～)
 非常勤職員 松本雅子 (～24.8.31)
 非常勤職員 片山佳代子
 非常勤職員 坂口律子

図書館

図書職員 藤原智孝 (24.4.1～)
 非常勤職員 田中智子
 非常勤職員 三好美砂子

出版物リスト (*List of Publication*)

大気環境ストレスユニット (Atmospheric Stress Unit) 光環境適応研究グループ (Group of Plant Light Acclimation Research)

- (1) Kato, Y., Kouso, T. and Sakamoto, W. 2012. Variegated tobacco leaves generated by chloroplast FtsH suppression: implication of FtsH function in the maintenance of thylakoid membranes. *Plant Cell Physiol.* 53: 391-404.
- (2) Tang L. Y., Matsushima R. and Sakamoto W. 2012. Mutations defective in ribonucleotide reductase activity interfere with pollen plastid DNA degradation mediated by DPD1 exonuclease. *Plant J.* 70: 637-649.
- (3) 松島 良. 2012. 澱粉粒の簡便観察法の開発とその利用. *応用糖質科学* 2: 147-149. (Matsushima, R. 2012. Applications of a rapid method to observe starch grains. *Bulletin of Applied Glycoscience* 2: 147-149).
- (4) Kato, Y., Sun, X., Zhang, L. and Sakamoto, W. 2012. Cooperative D1 Degradation in the Photosystem II Repair Mediated by Chloroplastic Proteases in *Arabidopsis*. *Plant Physiol.* 159: 1428-1439.
- (5) Zhang, L., Kato, Y., Otters, S., Vothknecht, U. and Sakamoto, W. 2012 Essential Role of VIPP1 in Chloroplast Envelope Maintenance in *Arabidopsis*. *Plant Cell* 24: 3695-3707.
- (6) Nakano, R.T., Matsushima, R., Nagano, A. J., Fukao Y., Fujiwara, M., Kondo, M., Nishimura, M. and Hara-Nishimura, I. 2012. ERMO3/MVP1/GOLD36 is involved in a cell type-specific mechanism for maintaining ER morphology in *Arabidopsis thaliana*. *PLoS ONE* e49103.
- (7) Matsushima, R., Yamashita, J., Kariyama, S., Enomoto, T. and Sakamoto, W. A phylogenetic re-evaluation of morphological variations of starch grains among Poaceae species. *J. Appl. Glycosci.* (in press)

細胞分子生化学グループ (Group of Cytochemical Biochemistry)

- (1) Sugimoto, M., Gusev, O.A., Rabbow, E., Sychev, V.N., Levinskikh, M.A., Novikova, N.D. and Grigoriev, A.I. Effect of UV radiation on viability of plant seeds under atmosphere of outer space and mars. *Doklady Biological Science* (in press)

環境応答機構研究グループ (Group of Environmental Response Systems)

- (1) Murayama, M., Hayashi, S., Nishimura, N., Ishide, M., Kobayashi, K., Yagi, Y., Asami, T., Nakamura, T., Shinozaki, K. and Hirayama, T. 2012. Isolation of *Arabidopsis ahg11* a weak ABA hypersensitive mutant defective in nad4 RNA editing. *J. Exp. Bot.* 63: 5301-5310.
- (2) Okamoto, M., Tsuboi, Y., Goda, H., Yoshizumi, T., Shimada, Y. and Hirayama, T. 2012. Multiple hormone treatment revealed novel cooperative relationships between abscisic acid and biotic stress hormones in cultured cells. *Plant Biotech.* 29: 19-34.
- (3) Salam, M. A., Jammes, F., Hossain, M. A., Ye, W. X., Nakamura, Y., Mori, I. C., Kwak, J.M. and Murata, Y. 2012. MAP kinases, MPK9 and MPK12, regulate chitosan-induced stomatal closure. *Biosci. Biotech. Biochem.* 76: 1782-1787.
- (4) Sobahan, M. A., Akter, N., Ohno, M., Okuma, E., Hirai, Y., Mori, I. C., Nakamura, Y. and Murata, Y. 2012. Effects of exogenous proline and glycinebetaine on the salt tolerance of rice cultivars. *Biosci. Biotech. Biochem.* 76: 1568-1570.
- (5) Hoque, M. A., Uraji, M., Torii, A., Banu, M. N. A., Mori, I. C., Nakamura, Y. and Murata, Y. 2012. Methylglyoxal inhibition of cytosolic ascorbate peroxidase from *Nicotiana tabacum*. *J. Biochem. Mol. Tox.* 26: 315-321.
- (6) Jannat, R., Uraji, M., Hossain, M. A., Islam, M. M., Nakamura, Y., Mori, I. C. and Murata, Y. 2012. Catalases negatively regulate methyl jasmonate signaling in guard cells. *J. Plant Physiol.* 169: 1012-1016.
- (7) Ohno, M., Uraji, M., Shimoishi, Y., Mori, I. C., Nakamura, Y. and Murata, Y. 2012. Mechanisms of the selenium tolerance of the *Arabidopsis thaliana* knockout mutant of sulfate transporter *SULTR1;2*. *Biosci. Biotech. Biochem.* 76: 993-998.
- (8) Uraji, M., Katagiri, T., Okuma, E., Ye, W. X., Hossain, M. A., Masuda, C., Miura, A., Nakamura, Y., Mori, I. C., Shinozaki, K. and Murata, Y. 2012. Cooperative function of PLD δ and PLD α 1 in abscisic acid-induced stomatal closure in *Arabidopsis*. *Plant Physiol.* 159: 450-460.

-
- (9) Sugiyama, Y., Uraji, M., Watanabe-Sugimoto, M., Okuma, E., Munemasa, S., Shimoishi, Y., Nakamura, Y., Mori, I. C., Iwai, S. and Murata, Y. 2012. FIA functions as an early signal component of abscisic acid signal cascade in *Vicia faba* guard cells. J. Exp. Bot. 63: 1357-1365.

土壌環境ストレスユニット (Soil Stress Unit)

植物ストレス学グループ (Group of Plant Stress Physiology)

- (1) Zheng, L. Q., Yamaji, N., Yokosho, K. and Ma, J. F. 2012. YSL16 is a phloem-localized transporter of the copper-nicotianamine complex that is responsible for copper distribution in rice. Plant Cell 24: 3767-3782.
- (2) Suzuki, S., Ma, J. F., Yamamoto, N., Hattori, T., Sakamoto, M. and Umezawa, T. 2012. Silicon deficiency promotes lignin accumulation in rice. Plant Biotechnol. 29: 391-394.
- (3) Ma, J. F. 2012. Silicon Transporters. V.N. Uversky, R.H. Kretsinger, E.A. Permyakov (eds.), Encyclopedia of Metalloproteins, DOI 10.1007/978-1-4614-1533-6, Springer.
- (4) Yamaji, N., Chiba, Y., Mitani-Ueno, N. and Ma, J. F. 2012. Functional characterization of a silicon transporter gene implicated in silicon distribution in barley. Plant Physiol. 160: 1491-1497.
- (5) Tsutsui, T., Yamaji, N., Huang, C. H., Motoyama, R., Nagamura, Y. and Ma, J. F. 2012. Comparative genome-wide transcriptional analysis of Al-responsive genes reveals novel Al tolerance mechanisms in rice. PLoS ONE 7(10): e48197. doi:10.1371/journal.pone.0048197.
- (6) Chen, Z. C. and Ma, J. F. 2012. Magnesium transporters and its role in Al tolerance in higher plants. Plant Soil DOI 10.1007/s11104-012-1433-y.
- (7) Sasaki, A., Yamaji, N., Yokosho, K. and Ma, J. F. 2012. Nramp5 is a major transporter responsible for manganese and cadmium uptake in rice. Plant Cell 24: 2155-2167.
- (8) Chen, Z. C., Yamaji, N., Motoyama, R., Nagamura, Y. and Ma, J. F. 2012. Up-regulation of a magnesium transporter gene *OsMGT1* is required for conferring aluminum tolerance in rice. Plant Physiol. 159: 1624-1633.
- (9) 山地直樹・馬 建鋒. 2012. 近年の農業へのケイ酸利用と研究. 1. 植物のケイ酸栄養と輸送. 日本土壌肥科学雑誌 83: 319-325. (Yamaji, N. and Ma, J. F. 2012. Recent utilization and research of silicon in agriculture. 1. Silicon nutrition and transport in plant. Jpn. J. Soil Sci. Plant Nutr. 83: 319-325.)
- (10) Yamamoto, T., Nakamura, A., Iwai, H., Ishii, T., Ma, J. F., Yokoyama, R., Nishitani, K., Satoh, S. and Furukawa, J. 2012. Effect of silicon deficiency on secondary cell wall synthesis in rice leaf. J. Plant Res. 125: 771-779.
- (11) Delhaize, E., Ma, J. F. and Ryan, P. R. 2012. Transcriptional regulation of aluminium tolerance genes. Trends Plant Sci. 17: 341-348.
- (12) Milner, M. J., Craft, E., Yamaji, N., Koyama, E., Ma, J. F. and Kochian, L. V. 2012. Characterization of the high affinity Zn transporter from *Noccaea caerulea*, NcZNT1, and dissection of its promoter for its role in Zn uptake and hyperaccumulation. New Phytol. 195: 113-123.
- (13) Fujii, M., Yokosho, K., Yamaji, N., Saisho, D., Yamane, M., Takahashi, H., Sato, K., Nakazono, M. and Ma, J. F. 2012. Acquisition of aluminium tolerance by modification of a single gene in barley. Nature Communications, 3: 713. doi: 10.1038/ncomms1726.
- (14) Montpetit, J., Vivancos, J., Mitani-Ueno, N., Yamaji, N., Rémus-Borel, W., Belzile, F., Ma, J. F. and Bélanger, R. R. 2012. Cloning, functional characterization and heterologous expression of *TaLsi1*, a wheat silicon transporter gene. Plant Mol. Biol. 79: 35-46.
- (15) Huang, C. F., Yamaji, N., Ono, K. and Ma, J. F. 2012. A leucine-rich repeat receptor-like kinase gene is involved in the specification of outer cell layers in rice roots. Plant J. 69: 565-576.
- (16) Huang, C. F., Yamaji, N., Chen, Z. and Ma, J. F. 2012. A tonoplast-localized half-size ABC transporter is required for internal detoxification of aluminum in rice. Plant J. 69: 857-867.

植物成長制御グループ (Group of Plant Growth Regulation)

- (1) Hoque, T.S., Okuma, E., Uraji, M., Furuichi, T., Sasaki, T., Hoque, M.A., Nakamura, Y. and Murata, Y. 2012. Inhibitory effects of methylglyoxal on light-induced stomatal opening and inward K⁺ channel activity in Arabidopsis. Biosci. Biotechnol. Biochem. 76: 617-619.

-
- (2) Wu, D., Zhao, M., Shen, S., Fu, Y., Sasaki, T., Yamamoto, Y., Wei, W. and Shen, H. 2012. Al-induced secretion of organic acid, gene expression and root elongation in soybean roots. *Acta Physiol. Plant.* (in press) DOI 10.1007/s11738-012-1067-y
 - (3) Chan, T., Shimizu, Y., Pospíšil, P., Nijo, N., Fujiwara, A., Taninaka, Y., Ishikawa, T., Hori, H., Nanba, D., Imai, A., Morita, N., Yoshioka-Nishimura, M., Izumi, Y., Yamamoto, Y., Kobayashi, H., Mizusawa, N., Wada, H. and Yamamoto, Y. 2012. Quality control of photosystem II: Lipid peroxidation accelerates photoinhibition under excessive illumination. *PLoS ONE*, 7: e52100.
 - (4) Yamamoto, Y., Demiral, T., Sasaki, T., Sano, T., Hasezawa, S. and Izumi, Y. 2012. Mechanisms of aluminum-induced cell death in plant cells. *In: Proceedings of 8th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH*, pp 102-103.

分子生理機能解析グループ (Group of Molecular and Functional Plant Biology)

- (1) Shibasaka, M., Sasano, S., Utsugi, S. and Katsuhara, M. 2012. Functional characterization of a novel plasma membrane intrinsic protein2 in barley. *Plant Signal. Behav.* 7: 1842-1846.
- (2) Kuwagata, T., Ishikawa-Sakurai, J., Hayashi, H., Nagasuga, K., Fukushi, K., Ahamed, A., Takasugi, K., Katsuhara, M. and Murai-Hatano, M. 2012. Influence of low air humidity and low root temperature on water uptake, growth and aquaporin expression in rice plants. *Plant Cell Physiol.* 53: 1418-1431.
- (3) Horie, T., Karahara, I. and Katsuhara, M. 2012. Salinity tolerance mechanisms in Glycophytes: An overview with the central focus on rice plants. *Rice* 5: 11.
- (4) Hooijmaijers, C., Rhee, J.Y., Kwak, K.J., Chung, G.C., Horie, T., Katsuhara, M. and Kang, H. 2012. Hydrogen peroxide permeability of plasma membrane aquaporins of *Arabidopsis thaliana*. *J. Plant Res.* 125: 147-153.

環境生物ストレスユニット (Biotic Stress Unit)

植物・微生物相互作用グループ (Group of Plant-Microbe Interactions)

- (1) Kondo, H., Chiba, S., Toyoda, K. and Suzuki, N. 2012. Evidence for negative-strand RNA virus infection in fungi. *Virology* doi: 10.1016/j.virol.2012.10.002.
- (2) Lin, Y.-H., Chiba, S., Tani, A., Kondo, H., Sasaki, A., Kanematsu, S. and Suzuki, N. 2012. A novel quadripartite dsRNA virus isolated from a phytopathogenic filamentous fungus, *Rosellinia necatrix*. *Virology* 426: 42-50.
- (3) Suzuki, N. 2012. Hypovirus cysteine proteases p29 and p48. Chapter 492. pp 2190-2193. In *Handbook of Proteolytic Enzymes 3rd Edition*. N Rawlings and G Salvesen (eds.). Elsevier, Academic Press, Oxford, UK ISBN: 9780123822192.
- (4) Tanaka, T., Eusebio-Cope, A., Sun, L. and Suzuki, N. 2012. Mycoreovirus genome alterations: similarities to and differences from rearrangements reported for other reoviruses. *Frontiers in Virology* 3 (186) 1-8. doi: 10.3389/fmicb.2012.00186.
- (5) Andika, I.B., Kondo, H., Nishiguchi, M. and Tamada, T. 2012. The cysteine-rich proteins of beet necrotic yellow vein virus and tobacco rattle virus contribute to efficient suppression of silencing in roots. *J. Gen. Virol.* 93: 1841-1850.
- (6) 近藤秀樹. 2012. ランのウイルス病とその診断法. *Orchid Sciences* 23: 41. (Kondo, H. 2012. Viruses and their diagnosis in orchids. *Orchid Sciences* 23: 41.)
- (7) Tani, A., Sahin, N. and Kimbara, K. 2012. *Methylobacterium oxalidis* sp. nov., isolated from leaves of *Oxalis corniculata*. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 62: 1647-1652.
- (8) Tani, A., Sahin, N., and Kimbara, K. 2012. *Methylobacterium gnaphalii* sp. nov., isolated from leaves of *Gnaphalium spicatum*. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 62: 2602-2607.
- (9) Thanyacharoen, U., Tani, A. and Charoenpanich, J. 2012. Isolation and characterization of a strain of *Kluyvera georgiana* with the potential for acrylamide biodegradation. *J. Environ. Sci. Health A Tox. Hazard. Subst. Environ. Eng.* 47: 1491-1499.
- (10) Tani, A., Takai, Y., Suzukawa, I., Akita, M., Murase, H. and Kimbara, K. 2012. Practical application of methanol-mediated mutualistic symbiosis between *Methylobacterium* species and a roof greening moss, *Racomitrium japonicum*. *PLoS ONE*, 7: e33800.

-
- (11) Saimmai, A., Tani, A., Sobhon, V. and Maneerat, S. 2012. Mangrove sediment, a new source of potential biosurfactant-producing bacteria. *Annals Microbiol.* 62: 1669-1679.
 - (12) Tani, A., Sahin, N., Matsuyama, Y., Enomoto, T., Nishimura, N., Yokota, A. and Kimbara, K. 2012. High-throughput identification and screening of novel *Methylobacterium* species using whole-cell MALDI-TOF/MS analysis. *PLoS ONE* 7: e40784.
 - (13) Ngamau, C.N., Matiru, V.N., Tani, A. and Wangari, M.C. 2012. Isolation and identification of endophytic bacteria of bananas (*Musa* spp.) in Kenya and their potential as biofertilizers for sustainable banana production. *African J. Microb. Res.* 6: 6414-6422.
 - (14) Nakagawa, T., Mitsui, R., Tani, A., Sasa, K., Tashiro, S., Imawa, T., Hayakawa, T., Kawai, K. 2012. A catalytic role of XoxF1 as La^{3+} -dependent methanol dehydrogenase in *Methylobacterium extorquens* strain AM1. *PLoS ONE*, 7: e50480.
 - (15) Kawai, F. and Tani, A. 2012. Genes involved in novel adaptive aluminum resistance in *Rhodotorula glutinis*. *Encyclopedia of Metalloproteins*. Ed. Robert H. Kretsinger, Vladimir N. Uversky, Eugene A. Permyakov, Springer Science and Business Media. Springer-Verlag Berlin Heidelberg, -1. DOI:10.1007/SpringerReference_327448

植物・昆虫間相互作用グループ (Group of Plant-Insect Interactions)

- (1) Bao, W.X. and Sonoda, S. 2012. Resistance to cypermethrin in melon thrips, *Thrips palmi* Karny (Thysanoptera: Thripidae), is conferred by reduced sensitivity of sodium channel and CYP450-mediated detoxification. *Appl. Entomol. Zool.* 47: 443-448.
- (2) Kaur, H., Shaker, K., Heinzl, N., Ralph, J., Galis, I. and Baldwin, I.T. 2012. Environmental stresses of field growth allow cinnamyl alcohol dehydrogenase-deficient *Nicotiana attenuata* plants to compensate for their structural deficiencies. *Plant Physiol.* 159: 1545-1570.
- (3) Oh, Y., Baldwin, I.T. and Galis, I. 2012. NaJAZh regulates a subset of defense responses against herbivores and spontaneous leaf necrosis in *Nicotiana attenuata* plants. *Plant Physiol.* 159: 769-788.
- (4) Onkokesung, N., Gaquerel, E., Kotkar, H., Kaur, H., Baldwin, I.T. and Galis, I. 2012. MYB8 controls inducible phenolamide levels by activating three novel hydroxycinnamoyl-CoA: polyamine transferases in *Nicotiana attenuata*. *Plant Physiol.* 158: 389-407.
- (5) Sonoda, S., Kohara, Y., Siqingerile, Toyoshima, S., Kishimoto, H. and Hinomoto, N. 2012. Phytoseiid mite species composition in Japanese peach orchards estimated using quantitative sequencing. *Exp. Appl. Acarol.* 56: 9-22.
- (6) Sonoda, S., Shi, X., Song, D., Zhang, Y., Li J., Wu, G., Liu, Y., Li, M., Liang, P., Wari, D., Matsumura, M., Minakuchi, C., Tanaka, T., Miyata, T. and Gao, X. 2012. Frequencies of the M918I mutation in the sodium channel of the diamondback moth in China, Thailand and Japan and its association with pyrethroid resistance. *Pestic. Biochem. Physiol.* 102: 102-105.
- (7) Woldemariam, M.G., Onkokesung, N., Baldwin, I.T. and Galis, I. 2012. Jasmonoyl-L-isoleucine hydrolase 1 (JIH1) regulates jasmonoyl-L-isoleucine levels and attenuates plant defenses against herbivores. *Plant J.* 72: 758-767.
- (8) 園田昌司 . 2012. 殺虫剤抵抗性機構の解析と今後の課題 . 植物防疫 66: 162-167.
- (9) 園田昌司 . 2012. 量的シーケンシングを用いたカブリダニの種構成推定法 . 植物防疫 66: 337-341.
- (10) 越山洋三・園田昌司 . 2012. 倉敷市から採集された4種の昆虫 . すずむし 147: 36.
- (11) 園田昌司 . 2012. もっと薬剤抵抗性マネジメントを考えよう . 日本農薬学会誌 37 (in press)
- (12) Zhang, L., Oh, Y., Li, H., Baldwin, I.T. and Galis, I. 2012. Alternative oxidase in resistance to biotic stresses: *Nicotiana attenuata* AOX contributes to resistance to a pathogen and a piercing-sucking insect but not *Manduca sexta* larvae. *Plant Physiol.* 160: 1453-1467.
- (13) Dinh, S.T., Galis, I. and Baldwin, I.T. UVB radiation and 17-hydroxygeranyllinalool diterpene glycosides provide durable resistance against mirid (*Tupiocoris notatus*) attack in field-grown *Nicotiana attenuata* plants. *Plant Cell Environ.* (in press)

遺伝資源ユニット (Genetic Resources Unit)

ゲノム多様性グループ (Group of Genome Diversity)

- (1) Zhou, T., Iimure, T., Hirota, N., Kihara, M., Hoki, T., Kanatani, R. and Sato, K. 2012. Malting quality quantitative trait loci on a high density map of Mikamo Golden x Harrington cross in barley (*Hordeum vulgare* L.). Mol. Breed. 30: 103-112.
- (2) Iimure, T., Nankaku, N., Kihara, M., Yamada, S. and Sato, K. 2012. Proteome analysis in wort boiling process. Food Res. Int. 45: 262-271.
- (3) Guo, Y., Li, Y., Huang, Y., Jarvis, D., Sato, K., Kato, K., Tsuyuzaki, T., Chen, L. and Long, C. 2012. Genetic diversity analysis of hulless barley from Shangri-la region revealed by SSR and AFLP markers. Genet. Resour. Crop Evol. 59: 1543-1552.
- (4) Iimure, T., Kimura, T., Araki, S., Kihara, M., Sato, M., Yamada, S., Shigyou, T. and Sato, K. 2012. Mutation analysis of barley malt protein Z4 and protein Z7 on beer foam stability. J. Agr. Food Chem. 60: 1548-1554.
- (5) Fujii, M., Yokosho, K., Yamaji, N., Saisho, D., Yamane, M., Takahashi, H., Sato, K., Nakazono, M. and Ma, J. F. 2012. Acquisition of aluminum tolerance by modification of a single gene in barley. Nature Communications 3: 713.
- (6) Yuo, T., Yamashita, Y., Kanamori, H., Matsumoto, T., Lundqvist, U., Sato, K., Ichii, M., Jobling, S. A. and Taketa, S. 2012. A *SHORT INTERNODES (SHI)* family transcription factor gene regulates awn elongation 1 and pistil morphology in barley. J Exp. Bot. 63: 5223-5232.
- (7) Julio Cesar Masaru Iehisa, Shimizu, A., Sato, K., Nasuda, S., Takumi, S. 2012. Discovery of high-confidence SNPs from large-scale *de novo* analysis of leaf transcripts of *Aegilops tauschii*, a wild wheat progenitor. DNA Res. 19: 487-197.
- (8) The International Barley Genome Sequencing Consortium. 2012. A physical, genetic and functional sequence assembly of the barley genome. Nature 491: 711-716.
- (9) Iimure, T. and Sato, K. Beer proteomics analysis for beer quality control and malting barley breeding. Food Res. Int. (in press)

遺伝資源機能解析グループ (Group of Genetic Resources and Functions)

- (1) Taketa, S., Yuo, T., Tonooka, T., Tsumuraya, Y., Inagaki, Y., Haruyama, N., Larroque, O. and Jobling, S.A. 2012. Functional characterization of barley betaglucanless mutants demonstrates a unique role for CslF6 in (1,3;1,4)- β -D-glucan biosynthesis. J. Exp. Bot. 63(1): 381-392.
- (2) Yuo, T., Yamashita, Y., Kanamori, H., Matsumoto, T., Lundqvist, U., Sato, K., Ichii, M., Jobling, S.A. and Taketa, S. 2012. A *SHORT INTERNODES (SHI)* family transcription factor gene regulates awn elongation and pistil morphology in barley. J. Exp. Bot. 63(14): 5223-5232.
- (3) Himi, E., Yamashita, Y., Haruyama, N., Yanagisawa, T., Maekawa, M. and Taketa, S. 2012. *Ant28* gene for proanthocyanidin synthesis encoding the R2R3 MYB domain protein (Hvmyb10) highly affects grain dormancy in barley. Euphytica 188: 141-151.

野生植物グループ (Group of Wild Plant Science)

- (1) Matsushima, R., Yamashita, J., Kariyama, S., Enomoto, T. and Sakamoto, W. A phylogenetic re-evaluation of morphological variations of starch grains among Poaceae species. Journal of Applied Glycoscience 60(1) (in press)
- (2) Sonoda, S., Yamashita, J., Koshiyama, Y., Kohara, Y. and Enomoto, T. Short-term effects of mowing on insect communities in Japanese peach orchards. Applied Entomology and Zoology (in press)

ゲノム育種ユニット (Applied Genomics Unit)

核機能分子解析グループ (Group of Nuclear Genomics)

- (1) Nagaki, K., Shibata, F., Kanatani, A., Kashihara, K. and Murata, M. 2012. Isolation of centromeric-tandem repetitive DNA sequences by chromatin affinity purification using a HaloTag7-fused centromere-specific histone H3 in tobacco. *Plant Cell Reports* 31: 771-779.
- (2) Nagaki, K., Yamamoto, M., Yamaji, N., Mukai, Y. and Murata, M. 2012. Chromosome dynamics visualized with an anti-centromeric histone H3 antibody in *Allium*. *PLOS ONE* 7(12): e51315.
- (3) Banaei-Moghaddam, A. M., Schubert, V., Kumke, K., Klemme, S., Weiß, O., Nagaki, K., Macas, J., González-Sánchez, M., Heredia, V., Gómez-Revilla, D., González-García, M., Vega, J., Puertas, M. and Houben, A. 2012. Nondisjunction in favour of a chromosome - the mechanism of rye B chromosome accumulation at pollen mitosis. *The Plant Cell* (in press).
- (4) Murata, M. *Arabidopsis* centromeres. In: *Plant Centromere Biology* (Ed. Jiang, J., Birchler, J. A.), Wiley-Blackwell, New York, (in press)

ゲノム制御グループ (Group of Genome Regulation)

- (1) Himi, E., Yamashita, Y., Haruyama, N., Yanagisawa, T., Maekawa, M. and Taketa, S. 2012. *Ant28* gene for proanthocyanidin synthesis encoding the R2R3 MYB domain protein (Hvmyb10) highly affects grain dormancy in barley. *Euphytica* 188: 141-151.
- (2) Eun, C.H., Takagi, K., Park, K.I., Maekawa, M., Iida, S. and Tsugane, K. 2012. Activation and epigenetic regulation of DNA transposon nDart1 in rice. *Plant Cell Physiol.* 53(5): 857-868.
- (3) Ezaki, B. and Nakakihara, E. 2012. Possible involvement of GDI1 protein, a GDP dissociation inhibitor related to vesicle transport, in an amelioration of zinc toxicity in *Saccharomyces cerevisiae*. *Yeast* 29: 17-24.
- (4) Kouno, T. and Ezaki B. Multiple regulation of *Arabidopsis AtGST11* gene expression by four transcription factors under abiotic stresses. *Physiologia Plantarum* (in press).
- (5) Shibasaka, M., Sasano, S., Utsugi, S. and Katsuhara, M. 2012. Functional Characterization of a Novel Plasma Membrane Intrinsic Protein2 in Barley. *Plant signaling & behavior* (in press)

国際会議およびシンポジウム

(List of International Conferences and Symposia)

大気環境ストレスユニット (Atmospheric Stress Unit)

光環境適応研究グループ (Group of Plant Light Acclimation Research)

- (1) Sakamoto, W. Tissue-specific organelle DNA degradation mediated by DPD1 exonuclease. Plant and Animal Genome XX. San Diego, U.S.A., January 14-18, 2012.
- (2) Tang, L.Y. and Sakamoto, W. Ribonucleotide reductase activity controls plastid DNA degradation during pollen development. Plant and Animal Genome XX. San Diego, U.S.A., January 14-18, 2012.
- (3) Sakamoto, W. Prokaryotic factors in the biogenesis and continuity of chloroplasts: Focus on DNA, protein, and membrane. Society for Experimental Biology Annual Main Meeting. Salzburg, Austria, June 29-July 2, 2012.
- (4) Sakamoto, W. Prokaryotic factors in the biogenesis and continuity of chloroplasts: Focus on DNA, protein, and membrane. Special Seminar, Department of Biology. Ludwig-Maximilians-Universität München, Munich, Germany, July 3, 2012.
- (5) Kato, Y., Sun, X., Zhang, L. and Sakamoto, W. Cooperative D1 degradation in the photosystem II repair mediated by chloroplastic proteases in Arabidopsis. Okayama University International Symposium "Structure and Dynamics of Photosynthetic Systems". Okayama, Japan, October 22-23, 2012.
- (6) Kato, Y. and Sakamoto, W. Analysis of D1 degradation in the mutants lacking phosphorylation of PSII core protein. Okayama University International Symposium "Structure and Dynamics of Photosynthetic Systems". Okayama, Japan, October 22-23, 2012.
- (7) Sakamoto, W. Innovative crop stress science for sustainable food production. The seventh JKUAT scientific, technological and industrialization conference. Nairobi, Kenya, November 15-16, 2012.

細胞分子生化学グループ (Group of Cytomolecular Biochemistry)

- (1) Sugimoto, M., Kanamori, T., Gusev, O., Levinskikh, M., Sychev, V., Podolsky, I., Bingham, G., Wheeler, R. and Hummerick, M. Gene expression profile of Mizuna (*Brassica rapa*) grown under a space environment. 39th Scientific Assembly of the Committee on Space Research. Mysore, India, July 14-22, 2012. P. 257.
- (2) Kihara, M., Hoki, T., Yamada, S., Gusev, O., Levinskikh, M., Sychev, V. and Sugimoto, M. Field performance and grain content of 'Space Barley', grain of malting barley stored outside international space station for thirteen months. 39th Scientific Assembly of the Committee on Space Research. Mysore, India, July 14-22, 2012. P. 99.
- (3) Gusev, O., Sychev, V., Novikova, N., Sugimoto, M., Okuda, T. and Kikawada, T. Survival in extreme environment by "preserve-expand-specialize" strategy: lessons from comparative genomics of an anhydrobiotic midge. 39th Scientific Assembly of the Committee on Space Research. Mysore, India, July 14-22, 2012. P. 256.
- (4) Katayama, N., Sugimoto, M., Yamashita, M., Hashimoto, H., Space Agriculture Task Force, Kihara, M. Role of the barley in space foods. 39th Scientific Assembly of the Committee on Space Research. Mysore, India, July 14-22, 2012. P. 103.
- (5) Gusev, O., Kukae, K., Sugimoto, M., Kikawada, T., Sakashita, T. and Okuda, T. Surviving rules: wide overlap in gene expression response to desiccation and ionizing radiation in an anhydrobiotic midge. 12th European Workshop on Astrobiology. Stockholm, Sweden, October 15-17, 2012. P. 198.
- (6) Sugimoto, M., Katayama, N., Kihara, M., Gusev, O., Levinskikh, M. and Sychev, V. Utilization of barley for space foods. Bioactive Okayama 2012, Okayama, September 13-14, 2012. P. 80.

環境応答機構研究グループ (Group of Environmental Response Systems)

- (1) Uraji, M., Katagiri, T., Okuma, E., Ye, W. X., Hossain, M. A., Masuda, C., Miura, A., Nakamura, Y., Mori, I. C., Shinozaki, K. and Murata, Y. Cooperative function of PLD δ and PLD $\alpha 1$ in abscisic acid-induced stomatal closure in *Arabidopsis*. 4th Pan American Plant Membrane Biology Workshop. Asilomar, California, USA, May 16-20, 2012.
- (2) Hirayama, T., Matsuura, T., Ushiyama, S. and Hayashi, S. AHG2/PARN and AHG2 suppressor 1 (AGS1) regulate the polyA status of mitochondrial mRNA. 23rd International Conference of Arabidopsis Research. Vienna Austria, July 3-7, 2012.

-
- (3) Sugiyama, M., Otsuka, K., Konishi, M., Kinoshita, A., Hachiya, T., Noguchi, K., Ueda, T. and Hirayama, T. Role of mitochondria in the restriction of formative cell division at the initial stage of lateral root primordium development. 23rd International Conference of Arabidopsis Research. Vienna, Austria, July 3-7, 2012.
 - (4) Hirayama, T. Plant specific function of polyA specific ribonuclease (PARN). Frontiers in Plant RNA Research 2012. Sapporo, Japan, Oct. 16-17, 2012.

土壌環境ストレスユニット (Soil Stress Unit)

植物ストレス学グループ (Group of Plant Stress Physiology)

- (1) Ma, J. F. Involvement of a magnesium transporter in aluminum tolerance in rice. International Symposium on Magnesium in Crop Production, Food Quality and Human Health. Goettingen, Germany, May 8-9, 2012.
- (2) Chen, Z. C., Yamaji, N. and Ma, J. F. Knockout of a Mg transporter gene resulted in increased Al sensitivity in rice. International Symposium on Magnesium in Crop Production, Food Quality and Human Health. Goettingen, Germany, May 8-9, 2012.
- (3) Ma, J. F. Silicon transporters for uptake, translocation and distribution in higher plants. Gordon Research Conferences 2012, Biomineralization. New London, USA, August 12-17, 2012.
- (4) Ma, J. F., Yamaji, N., Yokosho, K., Xia, J. X., Fujii, M. and Chen, Z. Molecular mechanisms of Al tolerance in gramineous crops. The 8th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH. Bengaluru, India, Oct. 18-22, 2012.
- (5) Yamaji, N., Sasaki, A., Yokosho, K., Xia, J. X. and Ma, J. F. OsNramp3-mediated distribution of Mn is controlled by external Mn supply in rice. The 8th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH. Bengaluru, India, Oct. 18-22, 2012.
- (6) Yokosho, K., Yamaji, N. and Ma, J. F. Isolation and characterization of an Al-induced transporter gene in buckwheat. The 8th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH. Bengaluru, India, Oct. 18-22, 2012.
- (7) Xia, J. X., Yamaji, N., Mitani, N. and Ma, J. F. A gene encoding a cysteine-rich peptide is involved in rice Al tolerance. The 8th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH. Bengaluru, India, Oct. 18-22, 2012.
- (8) Chen, Z. C., Yamaji, N. and Ma, J. F. Up-regulation of a magnesium transporter gene *OsMGT1* is required for aluminum tolerance in rice. The 8th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH. Bengaluru, India, Oct. 18-22, 2012.
- (9) Sasaki, A., Yamaji, N., Yokosho, K. and Ma, J. F. OsNramp5 is a major transporter responsible for the uptake of manganese in rice. The 8th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH. Bengaluru, India, Oct. 18-22, 2012.
- (10) Ma, J. F. Silicon transporters in rice. The 8th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH. Bengaluru, India, Oct. 18-22, 2012.
- (11) Ma, J. F. Node-based distribution of minerals in rice. International Workshop on Agricultural Resource Utilization and Soil Quality Improvement. Nanjing, China, Oct. 27-31, 2012.
- (12) Ma, J. F. Heterologous assay of plant mineral transporter activity in the liverwort *Marchantia polymorpha*. Marchantia Workshop 2012. Kumamoto, Japan, Nov. 15-17, 2012.

植物成長制御グループ (Group of Plant Growth Regulation)

- (1) Matsuura, K., Sasaki, T., Furuichi, T., Tsuchiya, Y. and Yamamoto, Y. Spectroscopic analyses for secondary structural changes of C-terminal hydrophilic domain of aluminum activated malate transport protein. Protein and Peptide Conference, Venue, China, March 23-25, 2012.
- (2) Yamamoto, Y., Demiral, T., Sasaki, T., Sano, T., Hasezawa, S. and Izumi, Y. Mechanisms of aluminum-induced cell death in plant cells. 8th International Symposium on Plant-Soil Interactions at Low pH, Bengaluru, India, October 18-22, 2012.

分子生理機能解析グループ (Group of Molecular and Functional Plant Biology)

- (1) Katsuhara, M., Kaneko, T., Horie, T., Tsuji, N. and Shibasaka, M. Osmotic-induced reduction of root hydraulic conductivity is essential as an early response in salt/osmotic tolerance. Gordon Research Conference – Salt & Water Stress In Plants. Hong Kong, China, June 24-29, 2012.

環境生物ストレスユニット (Biotic Stress Unit)

植物・微生物相互作用グループ (Group of Plant-Microbe Interactions)

- (1) Ngamau, C.N., Murage, H., and Tani, A. Identification of endophytic bacteria associated with rice seed in Kenya. Kenya Rice Researcher Forum Symposium. Nairobi, Kenya, Feb. 29, 2012.
- (2) Chiba, S., Kondo, H., Tani, A., Saisho, D., Sakamoto, W., Kanematsu, S. and Suzuki, N. Horizontal transfer of genome sequences of non-retroviral RNA. The 2nd Korea-Japan Joint Symposium and the 2012 Annual Meeting of PSJ Fukuoka International Congress Center, Japan, Mar. 27-30, 2012.
- (3) Suzuki, N. Viruses as biological control (virocontrol) agents of plant fungal pathogens. 2012 Fuzhou International Forum on Plant-Microbe Interactions. Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou, Fujian 350002, PR China, May 22-27, 2012.
- (4) Suzuki, N. Fungal Viruses and Virocontrol. The 2012 EEIMTD International Conference on Ecology, Etiology and Integrated Management of Forest and Fruit Tree Diseases. National Taiwan University, Taipei, Taiwan, May 24-25, 2012.
- (5) Eusebio-Cope, A. and Suzuki, N. Mycoreovirus 1 rearrangements generated in *dcl2* deletion mutant of the chestnut blight fungus, *Cryphonectria parasitica*. The 31st Annual Meeting of American Society for Virology. Madison, Wisconsin, USA, Jul. 21-25, 2012.
- (6) Chiba, S., Kondo, H., Kanematsu, S. and Suzuki, N. Evolutionary history of the family *Partitiviridae*: Insight from the viewpoint of paleovirology. The 31st Annual Meeting of American Society for Virology, Madison, Wisconsin, USA, Jul.21-25, 2012.
- (7) Nakagawa, T., Mitsui, R., Tani, A., Sasa, K., Tashiro, S., Iwama, T., Hayakawa, T. and Kawai, K. A catalytic role of XoxF1 as La³⁺-dependent methanol dehydrogenase in *Methylobacterium extorquens* strain AM1. Gordon Research Conference. Molecular basis of microbial one-carbon metabolism. Lewiston, ME, USA, Aug. 5-10, 2012.
- (8) Eusebio-Cope, A. and Suzuki, N. Further genome rearrangement of Mycoreovirus 1 segment 4 deletion mutant virus (MyRV1/S4ss) in an RNA silencing defective host. The 11th Awaji International Forum on Infection and Immunity. Awaji Yumebutai International Conference Center, Awaji, Hyogo, Japan, Sep. 11-14, 2012.
- (9) Sanchez, Z., Ota, T., Tani, A. and Kimbara, K. Monitoring system for biofilm architecture and development using a multichannel microdevice. IBS. 15th International Biotechnology Symposium and Exhibition. EXCO, Daegu, Korea, Sep. 16-21, 2012. Award: IBS 2012 President Poster Award.
- (10) Suzuki, N., Chiba, S., Kanematsu, S. and Kondo, K. Viruses as virocontrol agents of plant fungal pathogens. The 34th Naito Conference: Infection, Immunity and their Control for Health: Mucosal Barrier, Pathogen and Vaccine. Châteraisé Gateaux Kingdom SAPPORO, Japan, Oct.16-19, 2012.
- (11) Tamada, T., Kondo, H., Chiba, S. and Andika, I. B. Sugar-beet rhizomania caused by beet necrotic yellow vein virus: virulence, phylogeography and molecular epidemiology. First International Symposium on Plant-Microbe Interaction. Hangzhou, China, Oct. 20-22, 2012.
- (12) Mwashasha, M.R., Hunja, M. and Tani, A. Screening of bacterial and fungal isolates for their plant growth promoting activities. The 7th JKUAT Scientific, Technological, and Industrialization Conference. Nairobi, Kenya, Nov. 15, 2012.
- (13) Luque, D., Pérez-Mata, C., Suzuki, N., Kanematsu, S., Havens, W., Ghabrial, S. A., Carrascosa, J.L. and Castón, J. R. Heterodimers as the structural unit of T=1 of Rosellinia natrix quadrivirus 1. The 11th International Symposium on Double-Stranded RNA Viruses. San Juan, Puerto Rico, Nov. 27- Dec. 1, 2012.

植物・昆虫間相互作用グループ (Group of Plant-Insect Interactions)

- (1) Bao, W. X. and Sonoda, S. Pyrethroid resistance in melon thrips, *Thrips palmi* Karny. XXIV International Congress of

Entomology. Daegu, Korea, Aug. 19-25, 2012.

- (2) Galis, I. and Baldwin, I.T. Contribution of metabolomics and transcriptomics to understanding of plant defense against herbivores. XXIV International Congress of Entomology. Daegu, Korea, Aug. 19-25, 2012.
- (3) Sonoda, S. Frequencies of the M918I, T929I and L1014F mutations in the sodium channel of the diamondback moth in China, Thailand and Japan. XXIV International Congress of Entomology. Daegu, Korea, Aug. 19-25, 2012.
- (4) Sonoda, S. Organophosphate resistance in the laboratory and field strains of the diamondback moth. International Seminar on the Development of Insecticide Resistance and Its Management in the Diamondback Moth. Nagoya, Japan, Aug. 27, 2012.
- (5) Wari, D., Sonoda, S. and Kohara, Y. Suqingerile Phytoseiid mite species composition in Japanese peach orchards estimated using quantitative sequencing. XXIV International Congress of Entomology. Daegu, Korea, Aug. 19-25, 2012.
- (6) Galis, I. Metabolic and structural changes in plants exposed to biotic stress conditions. The 6th Bio-energy & Biotechnology Symposium. Gwangju, Korea, Nov. 23, 2012.

遺伝資源ユニット (Genetic Resources Unit) ゲノム多様性グループ (Group of Genome Diversity)

- (1) Sato, K., Takeda, K., Kanamori, H., Matsumoto, T., and Komatsuda, T. Identification of grain dormancy Qsd1 from wild barley. International Plant and Animal Genome Conference XX. San Diego, USA, Jan. 14, 2012.
- (2) Sato, K., and Ma, J. F. Development of recombinant chromosome substitution lines for Aluminium tolerance in barley. 11th International Barley Genetics Symposium. Hangzhou, China, April 15-20, 2012. p. 205-209.

ゲノム育種ユニット (Applied Genomics Unit) 核機能分子解析グループ (Group of Nuclear Genomics)

- (1) Ogura, Y. and Murata, M. Generation and analysis of expressed sequence tags in rye. 6th International Crop Science Congress. Bento Gonçalves, Brazil, August 6-10, 2012.

ゲノム制御グループ (Group of Genome Regulation)

- (1) Ezaki, B. and Higashi, A. Characterization of Al tolerance mechanisms in a wild plant, *Andropogon virginicus* L. 10th International Congress on Plant Molecular biology. Jeju, Korea, Oct. 21-26, 2012.
- (2) Himi, E. Red grain colour gene (*R*) of wheat is a Myb-type transcription factor. Kenya Agricultural Research Institute Seminar. Njoro, Kenya, Mar. 2, 2012.
- (3) Gichuhi, E., Himi, E., Takahashi, H. and Maekawa, M. QTL analysis for important characters in LIA rice and utilization of LIA rice characters in Basmati rice. Jomo Kenyatta University of Agriculture and Technology The Seventh JKUAT Scientific, Technological and Industrialisation conference. Nairobi, Kenya, Nov. 15-16, 2012.

講演およびシンポジウム発表

(*List of Domestic Conferences and Symposia*)

大気環境ストレスユニット (Atmospheric Stress Unit)

光環境適応研究グループ (Group of Plant Light Acclimation Research)

- (1) 加藤裕介・坂本亘: FtsH, DEG プロテアーゼによる光化学系 II 反応中心タンパク質 D1 の協調的分解. 日本植物生理学会第 53 回年会, 京都, 3 月 16-18 日, 2012. (Kato, Y. and Sakamoto, W.: Cooperative degradation in the PSII D1 protein mediated by FtsH and Deg proteases. 53th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 16-18, 2012, Kyoto)
- (2) Tang, L. Y. and Sakamoto, W.: Ribonucleotide reductase complex activity controls plastid DNA degradation during Arabidopsis pollen development. 53th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 16-18, 2012, Kyoto
- (3) Zhang L., Kato, Y., Saigo, K., Otter, S., Vothknecht, U. C. and Sakamoto, W.: Essential role of VIPP1 in chloroplast envelope integrity maintenance rather than thylakoid membrane biogenesis in Arabidopsis. 53th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 16-18, 2012, Kyoto
- (4) 石崎龍二・末次舞・家常祐弥・加藤祐介・大和政秀・栗野達也・坂本亘・岩瀬剛二・上中弘典: 菌根共生と色素体の進化から考察するツツジ科植物の無葉緑化. 日本植物生理学会第 53 回年会, 京都, 3 月 16-18 日, 2012. (Ishizaki, R., Suetsugu, M., Ietsune, Y., Kato, Y., Yamato, M., Awano, T., Sakamoto, W., Iwase, T. and Kaminaka H.: Shifting to achlorophyll in the plants Ericaceae discussed from knowledge about mycorrhizal symbiosis and plastid evolution. 53th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 16-18, 2012, Kyoto)
- (5) 中野亮平・松島良・永野淳・深尾陽一朗・藤原正幸・近藤真紀・西村幹夫・西村いくこ: シロイヌナズナ液胞タンパク質 ERMO3 は転写因子 NAI1 と協調して小胞体形態維持に関わる. 日本植物生理学会第 53 回年会, 京都, 3 月 16-18 日, 2012. (Nakano, R. T., Matsushima, R., Nagano, A. J., Fukao, Y., Fujiwara, M., Kondo, M., Nishimura, M. and Hara-Nishimura, I.: ERMO3, a Vacuolar Protein, Is Involved in Maintenance of ER Morphology in a Coordinated Manner with NAI1 Transcription Factor. 53th Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 16-18, 2012, Kyoto)
- (6) 松島良: 澱粉粒の形状決定に関する細胞生物学的研究. 第 52 回澱粉研究懇談会, 神戸, 6 月 6-8 日, 2012. (Matsushima, R.: Cytological study of starch grain morphologies. 52th Starch Round Table, June 6-8, 2012, Kobe)
- (7) 阿久澤さゆり・松島良・花城勲・伊藤紀美子: 新規アミロライスの胚乳および分離澱粉の構造解析とレオロジー特性. 日本食品科学工学会第 59 回大会, 札幌, 8 月 29-31 日, 2012. (Akuzawa, S., Matsushima, R., Hanashiro, I. and Ito K.: Rheological properties and structures of purified starch derived from novel high-amylose rice endosperm. 59th Annual Meeting of the Japanese Society for food science and technology, August 29-31, 2012, Sapporo)
- (8) 高橋寛・峰村貴央・松島良・藤田直子・阿久澤さゆり: 米澱粉の物性制御と利用特性に関する研究. 日本食品科学工学会第 59 回大会, 札幌, 8 月 29-31 日, 2012. (Takahashi, H., Minemura, T., Matsushima, R., Fujita N. and Akuzawa, S.: Control of physical properties of rice starch. 59th Annual Meeting of the Japanese Society for food science and technology, August 29-31, 2012, Sapporo)
- (9) 古跡満美子・松島良・伊藤 健・和久井健司・阿久澤さゆり: アピオス (*Apios americana Medikus*) 分離澱粉のレオロジー特性と利用性. 日本食品科学工学会第 59 回大会, 札幌, 8 月 29-31 日, 2012. (Koseki, M. Matsushima, R. Ito K., Wakui, K. and Akuzawa, S.: Rheological properties of purified starch derived from *Apios americana Medikus*. 59th Annual Meeting of the Japanese Society for food science and technology, August 29-31, 2012, Sapporo)
- (10) 松島良・前川雅彦・藤田直子・坂本亘: イネの胚乳のアミロプラストが巨大化する *ssg4* 変異体の解析. 日本育種学会第 122 回講演会, 京都, 9 月 14-15 日, 2012. (Matsushima, R., Maekawa, M. Fujita, N. and Sakamoto, W.: Molecular characterization of *ssg4*, a large amyloplast mutant of rice. 122th Annual Meeting of the Japanese Society of Breeding, September 14-15, 2012, Kyoto)
- (11) 藤田直子・豊澤佳子・松島良・川越靖・中村保典: 澱粉粒の形態に影響を与える要因. 日本育種学会第 122 回講演会, 京都, 9 月 14-15 日, 2012. (Fujita, N., Toyosawa, Y. Matsushima, R., Kawagoe, Y. and Nakamura, Y.: The factor on the morphology of starch granules. 122th Annual Meeting of the Japanese Society of Breeding, September 14-15, 2012, Kyoto)
- (12) 加藤裕介・坂本亘: 光化学系 II 修復サイクルにおける D1 タンパク質分解メカニズム. 日本植物学会第 76 回大会, 姫路, 9 月 15-17 日, 2012. (Kato, Y. and Sakamoto, W.: Mechanism of D1 protein degradation in PSII repair cycle. 76th Annual Meeting of the Botanical Society of Japan, September 15-17, 2012, Himeji)
- (13) 藤田直子・豊澤佳子・松島良・川越靖・中村保典: 澱粉粒の形態が激変する二重変異体イネの解析. 日本応用糖

質科学会第 61 回大会，東京，9 月 19-21 日，2012. (Fujita, N., Toyosawa, Y. Matsushima, R., Kawagoe, Y. and Nakamura, Y.: Deficiency of Starch synthase (SS)IIIa and SSIVb leads to dramatic changes in starch granule morphology in rice endosperm. 61th Annual Meeting of The Japanese Society of Applied Glycoscience. September 19-21, 2012, Tokyo)

- (14) 坂本 亘：葉緑体包膜の品質管理における VIPP1 タンパク質の役割. 二酸化炭素資源化を目指した植物の物質生産力強化と生産物活用のための基盤技術の創出. 合同班会議，北海道，9 月 27-28 日，2012. (Sakamoto, W.: Role of VIPP1 protein in quality control of chloroplast envelope. Creation of essential technologies to utilize carbon dioxide as a resource through the enhancement of plant productivity and the exploitation of plant products Joint meeting, September 27-28, 2012, Hokkaido)
- (15) Zhang, L.: Function of VIPP1 C-terminal region in Arabidopsis. 二酸化炭素資源化を目指した植物の物質生産力強化と生産物活用のための基盤技術の創出. 合同班会議，北海道，9 月 27-28 日，2012. (Zhang, L.: Creation of essential technologies to utilize carbon dioxide as a resource through the enhancement of plant productivity and the exploitation of plant products Joint meeting, September 27-28, 2012, Hokkaido)
- (16) 加藤 裕介：光化学系 II 修復サイクルにおける D1 タンパク質分解メカニズム. 二酸化炭素資源化を目指した植物の物質生産力強化と生産物活用のための基盤技術の創出. 合同班会議，北海道，9 月 27-28 日，2012. (Kato, Y.: Mechanism of D1 protein degradation in PSII repair cycle. Creation of essential technologies to utilize carbon dioxide as a resource through the enhancement of plant productivity and the exploitation of plant products Joint meeting, September 27-28, 2012, Hokkaido)

細胞分子生化学グループ (Group of Cytochemical Biochemistry)

- (1) 金森太治郎・Gusev, O., Bingham, G., Levinskikh, M., Sychev, V., Hummerick, M., Wheeler, R., 今野晴義・杉本 学：宇宙環境で生育するミズナの遺伝子発現解析. 日本農芸化学会中四国支部第 32 回講演会，鳥取，1 月 21 日，2012, p. 33. (Kanamori, T., Gusev, O., Bingham, G., Levinskikh, M., Sychev, V., Hummerick, M., Wheeler, R. and Sugimoto, M.: Expression of gene in Mizuna grown in space environment. 32th Annual Meeting of Japan Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry, January 21, 2012, Tottori)
- (2) 金森太治郎・今野晴義・Gusev, O., Bingham, G., Levinskikh, M., Sychev, V., Hummerick, M., Wheeler, R., 杉本 学：宇宙環境で生育するミズナの細胞壁代謝関連酵素遺伝子の発現. 日本宇宙生物科学会第 26 回大会，徳島，9 月 27-29 日，2012, p. 43. (Kanamori, T., Konno, H., Gusev, O., Bingham, G., Levinskikh, M., Sychev, V., Hummerick, M., Wheeler, R. and Sugimoto, M. Expression of cell wall-metabolizing enzyme genes in Mizuna grown in space environment. 26th Annual meeting of Japanese Society for Biological Science in Space, September 27-29, 2012, Tokushima)
- (3) 杉本 学・石井 誠・森 泉・渡辺 智・坂下哲哉・Gusev, O・木原 誠・保木健宏・Levinskikh, M., Sychev, V., Novikova, N., Grigoriev, A.: 国際宇宙ステーション船外に長期間曝露した大麦種子の生存能力. 日本宇宙生物科学会第 26 回大会，徳島，9 月 27-29 日，2012, p. 43. (Sugimoto, M., Ishii, M., Mori, I., Watanabe, S., Sakashita, T., Gusev, O., Kihara, M., Hoki, T., Levinskikh, M., Sychev, V., Novikova, N. and Grigoriev, A.: Viability of barley seeds long-term exposed to outer side of international space station. 26th Annual meeting of Japanese Society for Biological Science in Space, September 27-29, 2012, Tokushima)

環境応答機構研究グループ (Group of Environmental Response Systems)

- (1) 松浦恭和・森 泉・平山隆志：種子休眠極強白粒コムギの育成 (2011). 第 16 回穂発芽研究会，北海道，1 月 27 日，2012. (Matsuura, T., Mori I.C. and Hirayama T.: Breeding of the strong seed dormancy white-grain wheat (2011). 16th meeting of the society pre-harvest sprouting in cereals, January 27, 2012, Hokkaido)
- (2) Ushiyama, S., Otagiri, M., Ino, Y., Umezawa, T. and Hirayama, T.: Unique function of Arabidopsis seed predominant PP2Cs, AHG1 and AHG3, in ABA response in seeds and early seedlings. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, Mar. 16-18, 2012, Kyoto
- (3) 八木祐介・林晋平・小林啓子・平山隆志・中村崇裕：Pentatricopeptide repeat (PPR) モチーフの RNA 認識コード. 第 53 回日本植物生理学会年会，京都，3 月 16-18 日，2012. (Yagi, Y., Hayashi, S., Kobayashi, K., Hirayama, T. and Nakamura, T.: The RNA recognition code of pentatricopeptide repeat (PPR) motifs. Annual Meeting of the

Japanese Society of Plant Physiologists. Mar. 16-18, 2012, Kyoto)

- (4) 森 泉・泉 実・村田芳行：植物調節物質の標的としての植物イオンチャネル．第 53 回日本植物生理学会年会，京都，3 月 16-18 日，2012. (Mori, I. C., Izumi, M. and Murata, Y.: Plant ion channels as the targets of plant regulating agents. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, Mar. 16-18, 2012, Kyoto)
- (5) Rayhanur, J., 裏地美杉・諸藤美穂・Hossain, M. A., Islam, M. M., Bloom, R. E., 中村宜督, McClung, C. R., Schroeder, J. I., 森 泉・村田芳行：気孔閉口運動におけるカタラーゼの役割．日本農芸化学会 2012 年度大会，京都，3 月 22-25 日，2012. (Rayhanur, J., Uraji, M., Morofuji, M., Hossain, M. A., Islam, M. M., Bloom, R. E., Nakamura, Y., McClung, C. R., Schroeder, J. I., Mori, I. C., Murata, Y.: Roles of catalase in stomatal closure. Annual Meeting of Japan Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry, Mar. 22-25, 2012, Kyoto,)
- (6) 中村由貴・森 泉・鈴木信弘・金原和秀・谷明生： *Methylobacterium* 属細菌の植物への優占化機構の解析．日本農芸化学会 2012 年度大会，京都，3 月 22-25 日，2012. (Nakamura, Y., Mori, I. C., Suzuki, N., Kimbara, K., Tani, A.: Domination mechanism of *Methylobacterium* to plants. Annual Meeting of Japan Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry, Mar. 22-25, 2012, Kyoto)
- (7) 平山隆志・松浦恭和・牛山翔・林晋平：シロイヌナズナの PARN/AHG2 と AHG2 SUPPRESSOR1 (AGS1) はミトコンドリア mRNA の polyA 鎖長調節に関与する．第 14 回日本 RNA 学会年会．仙台，7 月 18-20 日，2012. (Hirayama, T., Matsuura, T., Ushiyama, S. and Hayashi, S.: Arabidopsis PARN/AHG2 and AHG2 SUPPRESSOR1 (AGS1) regulate the polyA status of mitochondrial mRNA. 14th RNA Meeting, July. 18-20, 2012, Sendai)
- (8) 松浦恭和・山下優子・森 泉・平山隆志：コムギ種子のホルモノーム．拠点共同研究主催ワークショップ「植物ホルモンとイオン輸送体の相互理解」，岡山，8 月 31 日，2012. (Matsuura T., Yamashita Y., Mori I.C., and Hirayama T.: Hormonome analysis of the wheat seed. The Workshop supported by Joint Usage/Research Center 「An interactive approach to understanding plant hormones and ion transporters」，August 31, 2012, Okayama)
- (9) 森 泉：支援内容の説明 植物ストレス生理解析システム、微量生体物質・植物ホルモン解析装置．日本植物学会第 76 回大会関連集会，最先端基盤事業「植物科学最先端研究拠点ネットワーク」利用説明会，姫路，9 月 15 日，2012. (Mori, I.: Plant Stress Physiology Analysis System, Trace Biological Substances and Plant Hormone Analysis System, Guide for support, Japan Advanced Plant Science Research Network. Annual Meeting of The Botanical Society of Japan, Sep. 15, 2012, Himeji)
- (10) 最相大輔・加藤美奈子・松浦恭和・松島良・持田恵一・平山隆志：ブラキポディウム TILLING ライン整備について．第一回ブラキポディウムワークショップ，横浜，11 月 7 日，2012. (Saisho, D., Kato, M., Matsuura, T., Matsushima, R., Mochida, K. and Hirayama, T.: Brachypodium TILLING line: Progress report. 1st Brachypodium Workshop, Nov. 7, 2012, Yokohama)

土壌環境ストレスユニット (Soil Stress Unit)

植物ストレス学グループ (Group of Plant Stress Physiology)

- (1) 馬 建鋒：酸性土壌ストレスに打ち克つ植物の知恵．第 53 回日本植物生理学会年会，京都，3 月 16-18 日，2012.
- (2) 山地直樹・佐々木明正・夏 継星・馬 建鋒：OsNramp3 によるイネの選択的マンガン分配機構．第 53 回日本植物生理学会年会，京都，3 月 16-18 日，2012.
- (3) 佐々木明正・山地直樹・馬 建鋒：イネのマンガン吸収に関与する輸送体遺伝子の機能解析．第 53 回日本植物生理学会年会，京都，3 月 16-18 日，2012.
- (4) Chen, Z.C., Yamaji, N. and Ma, J. F.: A putative ER-localized magnesium transporter OsMGT1 is involved in aluminum tolerance in rice. 第 53 回日本植物生理学会年会，京都，3 月 16-18 日，2012.
- (5) Ueno, D., Chen, Z., Kamiya, T., Iwasaki, K., Kato, S., Yamaji, N. and Ma, J. F.: OsMTP8.1 contribute to Mn tolerance by sequestering Mn to vacuoles in shoot of rice. 第 53 回日本植物生理学会年会，京都，3 月 16-18 日，2012.
- (6) Fujii, Y., Akagi, Y., Chen, Z., Iwasaki, K., Kato, S., Yamaji, N., Ma, J. F. and Ueno, D.: OsMTP9 is required for root-to-shoot Mn translocation in rice. 第 53 回日本植物生理学会年会，京都，3 月 16-18 日，2012.
- (7) 横正健剛・山地直樹・馬 建鋒：ソバのアルミニウム誘導性輸送体遺伝子 (FeIREG2) の機能解析．第 53 回日本植物生理学会年会，京都，3 月 16-18 日，2012.
- (8) 馬 建鋒：イネヒ素とカドミウム吸収の分子機構．日本薬学会第 132 年会，札幌，3 月 28-31 日，2012.
- (9) 馬 建鋒：植物のミネラルトランスポーター．第 53 回日本生化学会，中国四国支部例会，岡山，5 月 18 日，2012.
- (10) 馬 建鋒：植物の遷移金属の輸送体．Plant transporters for transition metals. 第 12 回日本蛋白質科学会年会，名古屋，6 月 20-22 日，2012.

-
- (11) 馬 建鋒：イネ OsHMA3 過剰発現体の更なる解析. 日本土壤肥料学会年会, 鳥取, 9月4-6日, 2012.
 - (12) 山地直樹・夏 継星・馬 建鋒：イネの OsHMA2 による亜鉛およびカドミウムの選択的分配機構. 日本土壤肥料学会年会, 鳥取, 9月4-6日, 2012.
 - (13) 三谷奈見季・山地直樹・馬 建鋒：ケイ酸輸送体 Lsi1 のケイ酸応答性および組織局在性を制御するプロモーターの解析. 日本土壤肥料学会年会, 鳥取, 9月4-6日, 2012.
 - (14) 柏野美帆・横正健剛・山地直樹・最相大輔・山根美樹・高橋宏和・佐藤和広・中園幹生・馬 建鋒：オオムギのアルミニウム耐性機構の獲得. 日本土壤肥料学会年会, 鳥取, 9月4-6日, 2012.
 - (15) 横正健剛・山地直樹・馬 建鋒：イネの MATE 遺伝子 OsFRDL2 の更なる機能解析. 日本土壤肥料学会年会, 鳥取, 9月4-6日, 2012.
 - (16) 久家徳之・山地直樹・馬 建鋒：イネケイ酸輸送体 Lsi2 (SIET1) のホモログ SIET3-5 の解析. 日本土壤肥料学会年会, 鳥取, 9月4-6日, 2012.
 - (17) 佐々木明正・山地直樹・馬 建鋒：OsNramp3 によるマンガン分配制御機構. 日本土壤肥料学会年会, 鳥取, 9月4-6日, 2012.

植物成長制御グループ (Group of Plant Growth Regulation)

- (1) 佐々木孝行：植物特有のアニオン輸送体 ALMT の多彩な機能. 第4回植物ストレス科学研究シンポジウム, 倉敷, 3月8-9日, 2012 (Sasaki, T. Functional diversity of plant specific ALMT-type anion transporter. The 4th Plant Stress Science Symposium, Kurashiki, March 8-9, 2012)
- (2) 山本洋子・Tijen Demiral・佐々木孝行・佐野俊夫・馳澤盛一郎・泉 洋平：植物細胞におけるアルミニウムによる細胞死誘発機構の解析. 日本植物生理学会, 京都, 3月16-18日, 2012 (Yamamoto, Y., Demiral, T., Sasaki, T., Sano, T., Hasezawa, S., Izumi, Y. Mechanism of aluminum-induced cell death in plant cells. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 16-8, 2012, Kyoto)
- (3) 佐々木孝行・有吉美智代・山本洋子：異種発現系を用いた ALMT1 輸送体の機能解析：各種阻害剤の効果. 日本植物生理学会, 京都, 3月16-18日, 2012 (Sasaki, T., Ariyoshi, M., Yamamoto, Y. Functional analyses of ALMT transporter in heterologous system: Effect of inhibitors. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 16-8, 2012, Kyoto)
- (4) 丸山隼人・佐々木孝行・岡崎圭毅・信濃卓郎・和崎淳：リン欠乏及びアルミニウム障害時におけるシロイヌナズナ野生株およびリンゴ酸分泌変異株の根浸出物の解析. 日本植物生理学会, 京都, 3月16-18日, 2012 (Maruyama, H., Sasaki, T., Okazaki, K., Shinano, T., Wasaki, J. Analysis of root exudates from *Arabidopsis thaliana* wild type and malate transporter mutants under phosphorus deficiency and aluminum stress. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 16-8, 2012, Kyoto)
- (5) Sasaki, T., Mori, I.C., Furuichi, T., Murata, Y., Yamamoto, Y. Plant-specific ALMT transporter family regulates multiple physiological functions. 日本農芸化学会2012年度大会, 京都, 3月23-25日, 2012 (Sasaki, T., Mori, I.C., Furuichi, T., Murata, Y., Yamamoto, Y. Plant-specific ALMT transporter family regulates multiple physiological functions. Annual Meeting of the Japan Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry, March 23-25, 2012, Kyoto)
- (6) 佐々木孝行：植物特異的アニオン輸送体の機能多様性と作物生産性向上への応用. 平成24年度日本農芸化学会東北支部シンポジウム「遺伝子解析による実用研究の新展開」, 秋田, 6月30日, 2012 (Sasaki, T. Functional diversity and application to crop production for plant specific ALMT-type anion transporter. Symposium of Tohoku Region of the Japan Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry, June 30, 2012, Akita)
- (7) 山本洋子・泉洋平・信濃卓郎・中村卓司・岡崎圭毅・佐々木孝行：アルミニウム応答におけるエネルギー代謝の関わり：アルミニウム耐性の異なるタバコ培養細胞株の比較解析. 日本土壤肥料学会, 鳥取, 9月4-6日, 2012 (Yamamoto, Y., Izumi, Y., Shinano, T., Nakamura, T., Okazaki, K., Sasaki, T. Role of energy metabolism in aluminum responses: Comparative studies of tobacco cell lines exhibiting various degrees of aluminum tolerance. Annual Meeting of the Japanese Society of Soil Science and Plant Nutrition. September 4-6, 2012, Tottori)
- (8) 佐々木孝行・有吉美智代・山本洋子：植物 ALMT 輸送体機能の比較解析. 日本土壤肥料学会, 鳥取, 9月4-6日, 2012 (Sasaki, T., Ariyoshi, M., Yamamoto, Y. Functional comparison of plant ALMT transporters. Annual Meeting of the Japanese Society of Soil Science and Plant Nutrition, September 4-6, 2012, Tottori)
- (9) Sameeullah, M., Sasaki, T., Yamamoto, Y. Role of sucrose transporter (NtSUT1) under normal growth and Al stress conditions in cultured tobacco cells. 日本土壤肥料学会, 鳥取, 9月4-6日, 2012 (Sameeullah, M., Sasaki, T.,

Yamamoto, Y. Role of sucrose transporter (NtSUT1) under normal growth and aluminum stress conditions in cultured tobacco cells. Annual Meeting of the Japanese Society of Soil Science and Plant Nutrition., September 4-6, 2012, Tottori)

- (10) 矢倉興士・丸山隼人・佐々木孝行・和崎淳：シロバナルーピンのクラスター根から単離した ALMT ホモログの解析．日本土壌肥料学会，鳥取，9月4-6日，2012 (Yakura, K., Maruyama, H., Sasaki, T., Wasaki, J. Analyses of ALMT homologue isolated from white lupin. Annual Meeting of the Japanese Society of Soil Science and Plant Nutrition, September 4-6, 2012, Tottori)
- (11) 荻谷耕輝・佐々木孝行・山本洋子：タバコ培養細胞 BY-2 を用いたアルミニウムによる細胞死の解析．日本土壌肥料学会 関西支部会，倉敷，12月6日，2012 (Kariya, K., Sasaki, T., Yamamoto, Y. Analyses of aluminum-induced cell death process in cultured tobacco cell line BY-2. Annual Meeting of Kansai Region of the Japanese Society of Soil Science and Plant Nutrition, December 6, 2012, Kurashiki)
- (12) 山本洋子・佐々木孝行：エネルギー代謝の制御に基づくストレス耐性作物の開発研究．「低炭素社会と食の安全・安心を統合した環境生命学的研究」研究発表会．－食料生産の持続性を担保する循環的な環境管理システムの構築－．岡山，12月10日，2012 (Yamamoto, Y. and Sasaki, T. Development of stress-tolerance crops, based on the control of energy metabolism. Meeting of “Study of environmental and life Science for integration of low carbon society and food security and safety” -Development of environmental managing system which guarantees the sustainability of food production-, December 10, 2012, Okayama)

分子生理機能解析グループ (Group of Molecular and Functional Plant Biology)

- (1) 辻伸弥・且原真木・柴坂三根夫：浸透圧ストレス下のイネ科植物根水透過性の制御．日本植物生理学会 2012 年度年会，京都，3月16-18日，2012. (Tsuiji, N., Katsuhara M. and Shibasaka, M.: Regulation of root hydraulic conductivity in gramineous plants under osmotic stress. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists. Mar. 16-18, 2012, Kyoto)
- (2) 篠野静香・柴坂三根夫・宇都木繁子・且原真木：第3の PIP アクアポリンの同定．日本植物生理学会 2012 年度年会，京都，3月16-18日，2012. (Sasano, S., Shibasaka, M., Utsugi, S. and Katsuhara, M.: The Third Type of PIP Aquaporins. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists. Mar. 16-18, 2012, Kyoto)
- (3) 且原真木・辻伸弥・金子智之・柴坂三根夫：オオムギとイネの根水透過性制御と浸透圧ストレス応答．第36回根研究集会，宮城，6月15-16日，2012. (Katsuhara, M., Tsuiji, N., Kaneko, T. and Shibasaka, M.: Regulation of root hydraulic conductivity and response to osmotic stress in rice and barley. 36th Japanese Society of Root Research Biannual Meeting, June. 15-16, 2012, Miyagi)
- (4) 信清裕一・柴坂三根夫・且原真木：オオムギにおける Na 輸送性 CNGC チャンネルの機能解析．日本土壌肥料学会 2012 年度鳥取大会，鳥取，9月4-5日，2012. (Nobukiyo, Y., Shibasaka, M. and Katsuhara, M.: Functional analysis of Na-transporting cyclic nucleotide-gated channels (CNGCs) in barley. Annual Meeting of the Japanese Society of Soil Science and Plant Nutrition. Sep. 4-6, 2012, Tottori)
- (5) 篠野静香・柴坂三根夫・且原真木：イネとオオムギの亜硫酸輸送性 NIP 型アクアポリン．日本植物学会第76回大会，兵庫，9月15-17日，2012. (Sasano, S., Shibasaka, M., and Katsuhara, M.: As-transporting NIP aquaporins in rice and barley. Annual Meeting of the Botanical Society of Japan. Sep. 15-17, 2012, Hyogo)
- (6) 松本研人・飯田聡子・且原真木・柴坂三根夫・篠野静香・小菅桂子：水生植物ヤナギモにおける水輸送タンパク質 PIP の解析．日本植物学会第76回大会，兵庫，9月15-17日，2012. (Matsumoto, K., Iida, S., Katsuhara, M., Shibasaka, M., Sasano, S., and Kosuge, K.: Analysis of water-transporting PIP in aquatic *Potamogeton oxyphyllus* Miq. Annual Meeting of the Botanical Society of Japan. Sep. 15-17, 2012, Hyogo)

環境生物ストレスユニット (Biotic Stress Unit)

植物・微生物相互作用グループ (Group of Plant-Microbe Interactions)

- (1) 中村 由貴・森 泉・鈴木 信弘・金原 和秀・谷 明生：*Methylobacterium* 属細菌の植物への優占化機構の解析．日本農芸化学会，京都，3月22-26日，2012. (Nakamura, Y., Mori, I.C., Suzuki, N., Kimbara, K. and Tani, A.: Mechanism of predomination of *Methylobacterium* species in phyllosphere. Annual Meeting of Japan Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry. Mar. 22-26, 2012, Kyoto)

- (2) 水野 雅之・井口 博之・谷 明生・由里本 博也・阪井 康能：シソに生息する *Methylobacterium* 属細菌の分布とその特性評価．日本農芸化学会大会，京都，3月22-26日，2012. (Mizuno, T., Iguchi H., Tani, A., Yurimoto, H. and Sakai, S.: Distribution and characterization of *Methylobacterium* spp. on perilla leaves and seeds. Annual meeting of the Japanese Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry. Mar. 22-26, 2012, Kyoto)
- (3) 田代 晋也・三井 亮司・谷 明生・佐々 健太郎・岩間 智徳・早川 享志・中川 智行・河合 啓一：メチロトロフ細菌 *Methylobacterium extorquens* のレアアース依存的メタノール代謝における *soxF* の機能解析．日本農芸化学会大会，京都，3月22-26日，2012. (Tashiro, S., Mitsui, R., Tani, A., Sasa, K., Iwama, T., Hayakawa T., Nakagawa, T. and Kawai, K.: Functional analysis of the *soxF* gene in the methanol metabolism depending on the rare-earth in the methylotrophic bacteria *Methylobacterium extorquens*. Annual meeting of the Japanese Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry. Mar. 22-26, 2012, Kyoto)
- (4) 谷 明生：品種の異なるオオムギに共生するメタノール資化性菌の網羅的ライブラリ作製と宿主生育促進効果の解析．日本農芸化学会大会，京都，3月22-26日，2012. (Tani, A.: Library and plant-growth promotion effect of methylotrophic bacteria collected from variety of barley. Annual meeting of the Japanese Society for Bioscience, Biotechnology, and Agrochemistry. Mar. 22-26, 2012, Kyoto)
- (5) 近藤 秀樹・千葉 壮太郎・梅林 絵里・鈴木 信弘：植物の核ゲノム上に見いだされるマイナス鎖 RNA ウィルス様配列．日本植物病理学会大会，福岡，3月28-30日，2012. (Kondo, H., Chiba, S., Umebayashi, E. and Suzuki, N.: Negative-stranded RNA virus-like sequences found in plant genomic DNAs. The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society. Mar. 28-30, 2012, Fukuoka)
- (6) 田中 徹・Sun Liying・千葉 壮太郎・鈴木 信弘：糖鎖付加欠損変異によるハイポウィルス p29 蛋白質の多機能性への影響．日本植物病理学会大会，福岡，3月28-30日，2012. (Tanaka, T., Sun, L., Chiba, S. and Suzuki, N.: Effects of glycosylation mutations on multifunctionality of p29 encoded by the prototype hypovirus CHV1-EP713. The Annual Meeting of the Japanese Phytopathological Society. Mar. 28-30, 2012, Fukuoka)
- (7) 田中 徹：ハイポウィルスとマイコレオウィルスが織りなすダイナミックな相互作用．第31回岡山病理セミナー，倉敷，5月19日，2012. (Tanaka, T.: Dynamic interplay between a hypovirus and a mycoreovirus. The 31th Okayama Regional Phytopathology Meeting. May.10, 2012, Kurashiki)
- (8) 林 諭希：新規マイコウィルスの性格付けと宿主範囲の検定法の確立．第31回岡山病理セミナー，倉敷，5月19日，2012. (Lin, Y.-H.: Characterization of novel mycoviruses and development of a method for their host range determination. The 31th Okayama Regional Phytopathology Meeting. May.10, 2012, Kurashiki)
- (9) Ana Eusebio-Cope. and Suzuki, N.: Mycoreovirus 1 variants are prone to genome rearrangements in a *dcl2* deletion mutant of the chestnut blight fungus, *Cryphonectria parasitica*. 27th Annual Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society. Jun. 23-24, 2012, Yonago.
- (10) 田中 徹・鈴木 信弘：ハイポウィルス多機能性蛋白質 p29 のレオウィルスゲノム再編成誘導能．第27回中国四国ウィルス研究会，米子，6月23-24日，2012. (Tanaka, T. and Suzuki, N.: Induction of mycoreovirus genome rearrangements by a hypovirus multifunctional protein p29. The 27th Annual Meeting of the Chugoku/Shikoku Regional Virology Society. Jun. 23-24, Yonago)
- (11) 平栗 章弘・植木 尚子・近藤 秀樹・野見山 孝司・一木 (植原) 珠樹・佐々木 信光・丹生谷 博・笹谷 孝英：ビッグベイン症を示すレタスから見いだされる2種ウィルスの細胞間移行タンパク質の同定．日本植物病理学会，関東部会．東京，9月13-14日，2012. (Hiraguri, A., Ueki, S., Kondo, H., Nomiya, T., Ichiki-Uehara, T., Sasaki, N., Nyunoya, H. and Sasaya, T.: Identification of cell-to-cell movement proteins of two viruses from big-vein disease of lettuce. Kntou Division Meeting of the Japanese Phytopathological Society. Sep.13-14, 2012, Tokyo)
- (12) 鈴木 信弘：ウィルスいろいろ：目立たないウィルス、植物の守り神となるウィルス．みちのくウィルス塾，独立行政法人国立病院機構仙台医療センター，7月14-15日，2012. (Suzuki, N.: Diverse viruses: cryptic viruses, guardian viruses for plants. The 11th Virus Michinoku Summer School. Sendai Medical Center, Jul. 14-15, 2012, Sendai)
- (13) 鈴木 信弘：マイコウィルスとヴァイロコントロール．植物感染生理談話会，滋賀，8月30日-9月1日，2012. (Suzuki, N.: Mycoviruses and Virocontrol. The 47th PSJ Plant-Microbe Interactions Symposium. Aug. 30-Sep.1, 2012, Shiga)
- (14) Lin, Y.-H., Chiba, S., Kondo, H., A., Kanematsu, S. and Suzuki, N.: Effects of defective-interfering RNA on symptom induction and replication of a novel partitivirus determined in a heterologous fungal host. 60th Annual Meeting of the Japanese Society for Virology. Nov.13-15, 2012, Osaka.
- (15) 近藤 秀樹・千葉 壮太郎・鈴木 信弘：マイナス鎖 RNA ウィルスの菌類への感染の可能性．第60回ウィルス学会学術集会，グランキューブ大阪（大阪国際会議場），11月13-15日，2012. (Kondo, H., Chiba, S. and Suzuki, N.: Evidence for negative-strand RNA virus infection in fungi. 60th Annual Meeting of the Japanese Society for

植物・昆虫間相互作用グループ (Group of Plant-Insect Interactions)

- (1) Galis, I.: Transcriptional regulation of defense against herbivores in wild tobacco species *Nicotiana attenuata*. Workshop “Jasmonate Signaling and Plant Defense against Insect Herbivores”. Feb. 24, 2012, Kurashiki.
- (2) 園田昌司: 草刈による除草がモモ圃場における昆虫の生物多様性に及ぼす影響について. 農研機構近畿中国四国農業研究センター問題別研究会虫害分科会, 福山, 3月5-7日, 2012. (Sonoda, S.: Effects of mowing on insect diversity in peach orchards. Mar. 5-7, 2012, Fukuyama)
- (3) Galis, I.: New insights into regulation of jasmonate mediated defense responses against herbivores in tobacco plants. 4th Plant Stress Science Symposium. Mar. 8-9, 2012, Kurashiki.
- (4) 園田昌司・宮田 正・史 雪岩: コナガの合成ピレスロイド剤抵抗性に関わるナトリウムチャネルのアミノ酸変異の頻度－日本、中国、タイ系統の比較－. 日本農薬学会第37回大会, 岡山, 3月14-16日, 2012. (Sonoda, S. Miyata, T. and Shi, X.: Frequencies of amino acid mutations in the sodium channel of the diamondback moth in China, Thailand and Japan. Mar. 14-16, 2012, Okayama)
- (5) 園田昌司: 殺虫剤抵抗性機構の解析と今後の課題について. 農林水産省薬剤抵抗性病害虫対策検討会, 東京, 3月16日, 2012. (Sonoda, S.: Insecticide resistance mechanisms and management. Mar. 16, 2012, Tokyo)
- (6) Galis, I., Oh, Y. and Baldwin, I.T.: Transcriptional regulation of plant defenses against herbivores. 53rd Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists. Mar. 16-18, 2012, Kyoto.
- (7) 園田昌司・小原洋子・斯欽格日楽・豊島真吾・岸本英成・日本典秀: 量的塩基配列決定法を用いたモモ圃場におけるカブリダニの種構成の推定. 第56回日本応用動物昆虫学会大会, 奈良, 3月27-29日, 2012. (Sonoda, S., Kohara, Y., Siqingerile, Toyoshima, S., Kishimoto, H. and Hinomoto, N.: Phytoseiid mite species composition in Japanese peach orchards estimated using quantitative sequencing. Mar. 27-29, 2012, Nara)
- (8) 包文学・伊藤政雄・村井 保・奈良井祐隆・園田昌司: ミナミキイロアザミウマの合成ピレスロイド剤抵抗性機構について (III). 第56回日本応用動物昆虫学会大会, 奈良, 3月27-29日, 2012. (Bao, W. X., Ito, M., Murai, T., Narai, Y. and Sonoda, S.: Pyrethroid resistance mechanisms of the melon thrips, *Thrips palmi*. Mar. 27-29, 2012, Nara)
- (9) 包文学・伊藤政雄・村井 保・奈良井祐隆・園田昌司: ミナミキイロアザミウマのピレスロイド剤抵抗性に関わるナトリウムチャネルの変異について. 平成24年度日本応用動物昆虫学会中国支部・日本昆虫学会中国支部合同例会, 岡山, 10月12日, 2012. (Bao, W. X., Ito, M., Murai, T., Narai, Y. and Sonoda, S.: Amino acid mutation in the sodium channel involving in pyrethroid resistance of the melon thrips, *Thrips palmi*. Oct. 12, 2012, Okayama)
- (10) 園田昌司: コナガの殺虫剤に対する抵抗性および適応機構. 農研機構九州沖縄農業研究センター九州昆虫セミナー, 熊本, 10月22日, 2012. (Sonoda, S.: Resistance and adaptation mechanisms against insecticide in the diamondback moth. Oct. 22, 2012, Kumamoto)
- (11) 園田昌司: 難防除害虫の薬剤抵抗性メカニズム. 農研機構野菜茶業研究センター革新的農業技術習得支援事業 (野菜の難防除害虫のIPM技術), 津, 10月24-26日, 2012. (Sonoda, S.: Insecticide resistance mechanisms of important pests. Oct. 24-26, 2012, Tsu)
- (12) 園田昌司: コナガのピレスロイド剤抵抗性. NIAS シンポジウムポストゲノム時代の害虫防除研究のあり方 - 第5回殺虫剤抵抗性問題の最前線, 東京, 11月15日, 2012. (Sonoda, S.: Pyrethroid resistance of the diamondback moth. Nov. 15, 2012, Tokyo)

遺伝資源ユニット (Genetic Resources Unit)

ゲノム多様性グループ (Group of Genome Diversity)

- (1) 佐藤和広・武田和義・金森裕之・松本隆・小松田隆夫: オオムギ種子休眠性 *Qsd1* の同定. 日本育種学会講演会. 宇都宮, 3月29-30日, 2012. (Sato, K., Takeda, K., Kanamori, H., Matsumoto, T. and Komatsuda, T.: Identification of grain dormancy *Qsd1* in barley. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, March 29-30, 2012, Utsunomiya)
- (2) Iehisa, M. Shimizu, A., Sato, K., Nasuda, S. and Takumi, S.: Large scale analysis of mRNAs from seedling leaves and SNP detection in *Aegilops tauschii*. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, March 29-30, 2012, Utsunomiya.
- (3) 石井誠・田中裕之・佐藤和広: アゼルバイジャンにおける不斉条オオムギの分布. 日本育種学会講演会. 宇都宮,

- 3月29-30日, 2012. (Ishii, M., Tanaka, H. and Sato, K.: Distribution of irregular row type in Azerbaijan. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, March 29-30, 2012, Utsunomiya)
- (4) 佐藤和広・元井由加: cDNA解析によるオオムギゲノム育種用DNAマーカーの開発. 日本育種学会講演会. 京都, 9月14-15日, 2012. (Sato, K., and Motoi, Y.: Development of DNA markers for barley genome breeding by cDNA analysis. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, September 14-15, 2012, Kyoto)
- (5) 佐藤和広・元井由加: cDNA解析によるオオムギゲノム育種用DNAマーカーの開発. 日本育種学会講演会. 京都, 9月14-15日, 2012. (Sato, K., and Motoi, Y.: Development of DNA markers for barley genome breeding by cDNA analysis. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, September 14-15, 2012, Kyoto)
- (6) 最相大輔・藤井美帆・馬建鋒・佐藤和広: オオムギのアルミニウム耐性獲得の進化過程. 日本育種学会講演会. 京都, 9月14-15日, 2012. (Saisho, D., Fujii, M., Ma, J.F. and Sato, K.: Evolutionary process of aluminium tolerance acquisition in barley. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, September 14-15, 2012, Kyoto)
- (7) 湯尾崇央・金森裕之・松本隆・Lundqvist Udda・佐藤和広・一井眞比古・Jobling A. Stephen・武田真: オオムギ短芒遺伝子 *lks2* のポジショナルクローニング. 日本育種学会講演会. 京都, 9月14-15日, 2012. (Yuo, T., Kanamori, H., Matsumoto, T., Lundqvist, U., Sato, K., Ichii, M., Jobling, A.S. and Taketa, S.: Positional cloning of a short awn gene *lks2* in barley. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, September 14-15, 2012, Kyoto)
- (8) 水野信之・清水顕史・佐藤和広・宅見薫雄・新田みゆき・那須田周平: RNA-seq法による一粒系コムギにおけるSNP探索. 京都, 9月14-15日, 2012. (Mizuno, N., Shimizu, A., Sato, K., Takumi, S., Nitta, M., and Nasuda, S.: Detection of SNPs by RNA-seq method in Einkorn wheat. Annual Meeting of Japanese Society of Breeding, September 14-15, 2012, Kyoto)
- (9) 佐藤和広: オオムギゲノム配列の概要. ムギ類研究会. つくば, 11月28-29日 (Sato, K.: Outline of barley genome sequence. Triticeae meeting, November 28-29, 2012, Tsukuba)

遺伝資源機能解析グループ (Group of Genetic Resources and Functions)

- (1) 氷見英子・前川雅彦: コムギのフラボノイド系色素合成に関与する anthocyanin synthase (ANS) 遺伝子について. 第121回日本育種学会講演会, 宇都宮, 3月29-30日, 2012. (Himi, E. and Maekawa, M.: Characterization of anthocyanidin synthase (ANS) gene related with flavonoid biosynthesis in wheat. The 121th meeting of Japanese Society of Breeding. March 29-30, 2012, Utsunomiya)
- (2) 湯尾崇央・佐藤友彦・金森裕之・松本隆・武田真: オオムギ皮性遺伝子 *Nud* 座周辺 600 kbp の配列及び近縁種における *Nud* ホモログの解析, 日本育種学会第121回講演会, 宇都宮, 3月29日, 2012. 育種学研究14(別1) p.119. (Yuo, T., Sato, T., Kanamori, H., Matsumoto, T. and Taketa, S.: Analysis of 600 kb-contig sequence spanning the barley *Nud* locus and *nud* homologs from allied species. The 121th meeting of Japanese Society of Breeding. March 29, 2012, Utsunomiya)
- (3) 掛田克行・青海滋行・松田彩乃・武田真: BSMV-VIGSによるオオムギ *Nud* 遺伝子の発現抑制と皮裸性の変化. 日本育種学会第121回講演会, 宇都宮, 3月30日, 2012. 育種学研究14(別1) p.191. (Kakeda, K., Seigai, M., Matsuda, A. and Taketa S.: Silencing of the barley *Nud* gene by BSMV-VIGS and alternations in the covered/naked caryopsis phenotype. The 121th meeting of Japanese Society of Breeding. March 30, 2012, Utsunomiya)
- (4) 氷見英子・武田真・前川雅彦: オオムギのプロアントシアニン欠失突然変異体 (*ant* 突然変異体) を利用した種子色が種子休眠に及ぼす影響について. 第122回日本育種学会講演会, 京都, 9月14-15日, 2012. (Himi, E., Taketa, S. and Maekawa, M.: Influence of the grain color on grain dormancy in barley proanthocyanidin-free mutants (*ant* mutants). The 122th meeting of Japanese Society of Breeding. September 14, 2012, Kyoto)
- (5) 井上賢彦・大田毅・湯尾崇央・武田真・一谷勝之・河瀬眞琴・福永健二: アワポリフェノール酸化酵素 (PPO) 遺伝子の 6bp 挿入型変異とその地理的分布. 第122回日本育種学会講演会, 京都, 9月14-15日, 2012. (Inoue, T., Ohta, T., You, T., Taketa, S., Ichitani, K., Kawase, M. and Fukunaga, K.: 6 bp insert variation of polyphenol oxidase (PPO) gene in foxtail millet and its geographical distribution. The 122th meeting of Japanese Society of Breeding. September 15, 2012, Kyoto)
- (6) 湯尾崇央・金森裕之・松本隆・Lundqvist, U.・佐藤和広・一井眞比古・Jobling, S.A.・武田真: オオムギ短芒遺伝子 *lks2* のポジショナルクローニング. 第122回日本育種学会講演会, 京都, 9月14-15日, 2012. (Yuo, T., Kanamori, H., Matsumoto, T., Ludqvist, U., Sato, K., Ichii, M., Jobling, S., Taketa, S.: Positional cloning of a short awn gene *lks2* in barley. The 122th meeting of Japanese Society of Breeding. September 15, 2012, Kyoto)
- (7) Himi, E.: Influence of the grain color on grain dormancy in wheat and barley. IPSR-Kenya Day, Kurashiki, October 19,

2012, Kurashiki

- (8) 西村 秀希・氷見 英子：植物研で始めるマイクロアレイ ～依頼から解析まで～. Agilent マイクロアレイ 基盤の整備とマイクロアレイ実験の展望 (2), 倉敷, 11 月 30 日, 2012. (Nishimura, H. and Himi, E.: Beginning microarray experiments in IPSR ~From request to analysis~. Agilent microarray Workshop, November 30, 2012, Kurashiki)
- (9) 氷見英子・武田真：「休眠の強い白粒コムギは出来るのか？～オオムギ *ant* 突然変異体を利用した実験モデル～」. 第 17 回穂発芽研究会, 九州沖縄農業研究センター 筑後・久留米研究拠点 (筑後), 福岡県筑後市, 12 月 18 日, 2012. (Himi, E. and Taketa, S.: Could we breed white grain wheat with strong dormancy? From trial experiments using barley *ant* mutants. The 17th dormancy research meeting, December 18, 2012, Chikugo)

野生植物グループ (Group of Wild Plant Science)

- (1) 山下 純：大阪市立大学理学部附属植物園に野生するシダ植物と種子植物の種多様性調査と評価. 第 26 回ニッセイ財団助成研究ワークショップ, 都市と森の共生をめざして. 大阪, 1 月 7 日, 2012. (Yamashita, J.: Species diversity of the vascular plants in the Botanical Gardens of Osaka City University, and its conservation-biological importance. The 26th Nissay Foundation work shop, January 7, 2012, Osaka)
- (2) 山下 純・岡崎 純子・植松 千代美：大阪市立大学理学部附属植物園における雑草フロラ～過去と現在～. 日本雑草学会第 51 回大会, つくば, 4 月 4-5 日, 2012. (Yamashita, J., Okazaki, J. and Uematsu, C.: Weed flora of the Botanical Gardens of Osaka City University ~ change of species constitution during the last 50 years ~. The 51th Annual Meeting of Weed Science Society of Japan, April 4-5, 2012, Tsukuba)

ゲノム育種ユニット (Applied Genomics Unit)

核機能分子解析グループ (Group of Nuclear Genomics)

- (1) 長岐清孝・山本真紀・向井康比己・村田稔：動原体特異的ヒストンのネギ属染色体観察への利用～新教材としての可能性～. 日本遺伝学会第 84 回大会, 福岡市, 9 月 24-26 日, 2012. (Nagaki, K., Yamamoto, M., Yamaji, N., Mukai, Y. and Murata, M.: Utilization of CENH3 for chromosome observation in *Allium* species. Annual meeting of Genetics Society of Japan, September 24-26, 2012, Fukuoka)
- (2) 村田稔・柴田洋・藤本聡・長岐清孝：シロイヌナズナにおける染色体再編成の誘発とゲノム安定性. 日本遺伝学会第 84 回大会, 福岡市, 9 月 24-26 日, 2012. (Murata, M., Shibata, F., Fujimoto, S. and Nagaki, K.: Induction of chromosomal rearrangements and genome stability in *Arabidopsis*. Annual meeting of Genetics Society of Japan, September 24-26, 2012, Fukuoka)
- (3) 長岐清孝・山地直樹・村田稔：染色体観察のための組織免疫染色法の開発. 染色体学会第 63 回年会, 旭川市, 10 月 5-7 日, 2012. (Nagaki, K., Yamaji, N. and Murata, M.: Development of an immunohistochemical method for chromosome observation. Annual meeting of Chromosome Society of Japan, October 5-7, 2012, Asahikawa)
- (4) 長岐清孝・山地直樹・村田稔：タマネギ根端を材料に用いた組織免疫染色による分裂細胞の 3 次元解析. バイオイメージング・インフォマティクス 2012, 神戸市, 11 月 1-2 日, 2012. (Nagaki, K., Yamaji, N. and Murata, M.: 3D analysis of onion cell divisions by an immunohistochemical method. Bio-imaging informatics 2012, November 1-2, 2012, Kobe)

ゲノム制御グループ (Group of Genome Regulation)

- (1) 力石和英：コムギにおける LEC2 様遺伝子の発現解析. 第 16 回穂発芽研究会, 女満別, 1 月 26 日 - 27 日, 2012. (Rikiishi, K.: Expression analysis of LEC2 like gene in wheat. The 16th meeting of a Society of Pre-Harvest Sprouting. January 26-27, 2012, Memanbetsu)
- (2) 力石和英・吉村康弘：国際穂発芽シンポジウム報告. 第 16 回穂発芽研究会, 女満別, 1 月 26 日 - 27 日, 2012. (Rikiishi, K. and Yoshimura, Y. Report of the 12th International Symposium on Pre-Harvest Sprouting in Cereals. The 16th meeting of a Society of Pre-Harvest Sprouting. January 26-27, 2012, Memanbetsu)
- (3) 氷見英子：種子色と種子休眠性の関連性～オオムギの *ant* 突然変異体を利用して～. 第 16 回穂発芽研究会, 女満別, 1 月 26-27 日, 2012. (Himi, E.: Relationship between grain color and grain dormancy -using barley *ant* mutants -.

The 16th meeting of a Society of Pre-Harvest Sprouting. January 26-27, 2012, Memanbetsu)

- (4) 江崎文一・東 藍子：イネ科野生植物メリケンカルカヤの Al 耐性の解析と、SAMS 及び ABC transporter 両遺伝子の耐性との関連について．日本植物生理学会年会，京都，3 月 16-18 日，2012. (Ezaki, B., and Higashi, A.: Characterization of Al tolerance in *Andropogon virginicus* L. and functional evaluation of SAMS gene and ABC transporter like gene in Al stress. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 16-18, 2012, Kyoto)
- (5) 河野貴文・江崎文一：アラビドプシス *AtGST11* 遺伝子の発現・応答に関わる 4 つの転写調節因子の解析．日本植物生理学会年会，京都，3 月 16 - 18 日，2012. (Kouno, T. and Ezaki, B.: Isolation and characterization of transcription factors involved in gene-response mechanisms in *Arabidopsis thaliana AtGST11* gene. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 16-18, 2012, Kyoto)
- (6) Sasano, S., Shibasaka, M., Utsugi, S. and Katsuhara, M.: Molecular basis of water transport in Barley : The 3rd Type of PIP Aquaporins. 第 53 回日本植物生理学会年会，京都産業大学，3 月 16 - 18 日，2012 (Sasano, S., Shibasaka, M., Utsugi, S. and Katsuhara, M.: Molecular basis of water transport in Barley : The 3rd Type of PIP Aquaporins. Annual Meeting of the Japanese Society of Plant Physiologists, March 16-18, 2012, Kyoto.)
- (7) 氷見英子・前川雅彦：コムギのフラボノイド系色素合成に関与する *anthocyanidin synthase (ANS)* 遺伝子について．第 121 回日本育種学会講演会，宇都宮，3 月 29-30 日，2012. (Himi, E. and Maekawa, M.: Characterization of *anthocyanidin synthase (ANS)* gene related with flavonoid biosynthesis in wheat. 121st Meeting of the Japanese Society of Breeding. March 29-30, 2012, Utsunomiya)
- (8) Gichuhi, E.・氷見英子・前川雅彦：Characterization and genotyping of LIA rice line derived from the cross between MwM, an African wild species and T-65. 第 121 回日本育種学会講演会，宇都宮，3 月 29-30 日，2012.
- (9) 前川雅彦・吉田明希子・Ruihong, C.・安野奈緒子・経塚淳子：機能未知遺伝子 TAW1 への nDart1 挿入系統における収量増加．第 121 回日本育種学会講演会，宇都宮，3 月 29-30 日，2012. (Maekawa, M., Yoshida A., Ruihong C., Yasuno N. and Kyoizuka J.: Increase yield in NIL carrying *nDart1*-inserted *TAW1* with unknown function. 121st Meeting of the Japanese Society of Breeding. March 29-30, 2012, Utsunomiya)
- (10) 氷見英子：コムギの種子色に関与する遺伝子群の単離と解析．第 109 回一般社団法人日本女子大学教育文化振興桜楓会総会，東京，6 月 16 日，2012. (Himi, E.: Characterization of genes involving in wheat grain color. 109th Meeting of the Ofu-Kai for the Promotion of Education and Culture at Japan Women's University. June 16, 2012, Tokyo)
- (11) 江崎文一・東 藍子・Kottapalli, J.: イネ科野生植物メリケンカルカヤの高 Al 耐性機構の解析．日本土壤肥料学会年会，鳥取，9 月 4 - 7 日，2012. (Ezaki, B., Higashi, A. and Kottapalli, J.: Al tolerance mechanisms in a poaceae wild plant, *Andropogon*. Annual Meeting of the Japanese Society of Soil Science and Plant Nutrition, September 4-7, 2012, Tottori)
- (12) 氷見英子・武田真・前川雅彦：オオムギのプロアントシアニジン欠失突然変異体 (*ant* 突然変異体) を利用した種子色が種子休眠に及ぼす影響について．第 122 回日本育種学会講演会，京都，9 月 14-15 日，2012. (Himi, E., Takata, S. and Maekawa, M.: Influence of the grain color on grain dormancy in barley proanthocyanidin-free mutants (*ant* mutants). 122nd Meeting of the Japanese Society of Breeding. September 14-15, 2012, Kyoto)
- (13) Gichuhi, E., Himi, E., Takahashi, H. and Maekawa, M.: Identification of QTLs underlying important agronomic traits for low input adaptability in LIA-1, derived from a cross between *Oryza longistaminata* and T-65. 第 122 回日本育種学会講演会，京都，9 月 14-15 日，2012.
- (14) 西村秀希・氷見英子・飯田滋・梅根一夫・前川雅彦：コシヒカリ *nDart1-0* タグラインの育成．第 122 回日本育種学会講演会，京都，9 月 14-15 日，2012. (Nishimura, H., Himi, E., Iida, S., Tsugane, K. and Maekawa, M.: Development of *nDart1-0* line in Koshihikari. 122nd Meeting of the Japanese Society of Breeding. September 14-15, 2012, Kyoto)
- (15) 梅根一夫・殷彰顯・高木恭子・梅根美佳・飯田滋・前川雅彦：イネ内在性 DNA トランスポゾン *nDart* のエピジェネティックな転移活性の制御．第 122 回日本育種学会講演会，京都，9 月 14-15 日，2012. (Tsugane K., Eun C., Takagi K., Tsugane M., Iida S. and Maekawa, M.: IActivation and epigenetic regulation of DNA transposon *nDart1* in rice. 122nd Meeting of the Japanese Society of Breeding. September 14-15, 2012, Kyoto)
- (16) Gichuhi, E.: QTL analysis for important characters in LIA rice and utilization of LIA rice characters in Basmati rice. IPSR-Kenya Day, Kurashiki, Oct. 19, 2012.
- (17) Himi, E.: Influence of the grain color on grain dormancy in wheat and barley. IPSR-Kenya Day, October 19, 2012, Kurashiki
- (18) 西村 秀希・氷見 英子：植物研で始めるマイクロアレイ ～依頼から解析まで～. Agilent マイクロアレイ基盤の整

備とマイクロアレイ実験の展望 (2), 倉敷, 11 月 30 日, 2012. (Nishimura, H., and Himi, E.: How to start a microarray analysis in the IPSR. -from application to analysis- Development of Agilent microarray system and view of the micro array experiments. November 30, 2012, Kurashiki)

- (19) 江崎文一・東 藍子・高橋憲公・西内 巧・Kottapalli, J.: イネ科メリケンカルカヤの Al 耐性機構と耐性関連の SAMS、ABC-transporter 遺伝子の解析 土壤肥料学会関西土壤肥料支部会及び協議会, 倉敷, 12 月 6 - 7 日, 2012. (Ezaki, B., Higashi, A., Takahashi, K., Nishiuchi, T. and Kottapalli, J.: Tolerance mechanisms and functional evaluation of SAMS gene and ABC transporter gene for Al stress in Andropogon, December 6-8, 2012, Kurashiki,)

研究所員が主催したシンポジウム等

(List of Symposium Superintended by the Member of Institute)

International Plant and Animal Genome XIX Barley Workshop

January 14, 2012

Town & Country Hotel, San Diego, USA

Organizers: Alan H. Schulman (MTT & University of Helsinki), Kazuhiro Sato (Okayama University)

1. A physical map of the barley genome - hub for gene isolation, genome diversity analysis and genome sequencing
Nils Stein (Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK); I.B.S.C. International Barley Sequencing Consortium)
2. Sequences of 14,600 Gene-Bearing Minimal Tiling Path BACs of Morex Barley
Stefano Lonardi (University of California – Riverside)
3. Frequency and pattern of structural variation in the cultivated and non-cultivated gene-pool of barley as revealed by Comparative Genomic Hybridization
Maria Munoz-Amatriain (University of Minnesota)
4. Genome-wide transcript profiling of barley *rar3* in response to powdery mildew
Roger Wise (USDA-ARS / Iowa State University)
5. Cell-wall based host-and nonhost resistance of barley against powdery mildew
Dimitar Douchkov (Leibniz Inst. of Plant Genetics and Crop Plant Res)
6. Identification of grain dormancy *Qsd1* from wild barley
Kazuhiro Sato (Okayama University)

共同利用／共同研究拠点ワークショップ －オオムギリソース整備の方向性－

日程：平成 24 年 1 月 31 日

場所：岡山大学資源植物科学研究所

オーガナイザー：佐藤和広（岡山大・植物研）

1. 生物研のムギ類プロジェクトについて
小松田 隆夫（農業生物資源研究所）
2. 農研機構のムギ類プロジェクトについて
柳沢 貴司（作物研究所）
3. コムギ研究とオオムギ研究の共通リソース
宅見 薫雄（神戸大学農学部）
4. オオムギ研究とリソース整備の方向性
佐藤 和広（岡山大学資源植物科学研究所）

Workshop supported by Joint Usage/Research Center － Direction of resource maintenance in barley –

January 31, 2012

IPSR, Okayama University

Organizer: Kazuhiro Sato (IPSR, Okayama University)

1. Triticeae projects at National Institute of Agrobiological Sciences (NIAS)
T. Komatsuda (NIAS)
2. Triticeae projects at National Agriculture and Food Research Organization (NARO)
T. Yanagisawa (Institute of Crop Science, NARO)

-
3. Joint resources between wheat research and barley research
S. Takumi (Faculty of Agriculture, Kobe University)
 4. Barley research and the direction of resource maintenance
K. Sato (Institute of Plant Science and Resources, Okayama University)

Workshop supported by Joint Usage/Research Center
– Jasmonate signaling and plant defense against insect herbivores –

February 24, 2012
IPSR, Okayama University
Organizers: Ivan Galis (IPSR, Okayama University)

1. Herbivore-induced plant volatiles drive ecological interaction networks
Junji Takabayashi (Kyoto Univ.)
2. Genetic engineering and ecology of indirect plant defenses
Gen-Ichiro Arimura (Kyoto Univ.)
3. Interaction among lima beans, spider mites and predatory mites via plant volatiles
Rika Ozawa (Kyoto Univ.)
4. Transcriptional regulation of defense against herbivores in wild tobacco species *Nicotiana attenuata*
Ivan Galis (IPSR, Okayama Univ.)
5. Jasmonate-induced nicotine biosynthesis in tobacco
Tsubasa Shoji (NAIST)
6. Jasmonoyl isoleucine as a mobile signal to induce systemic wound response in tobacco and tomato
Hideyuki Matsuura (Hokkaido Univ.)
7. Plant-plant interaction mediated by ecological volatiles
Kenji Matsui (Yamaguchi Univ.)
8. Final remarks, discussion

共同利用／共同研究拠点ワークショップ
– 東日本大震災被災農地の修復に向けて –

日程：平成 24 年 2 月 27 日
場所：岡山大学資源植物科学研究所
オーガナイザー：山本洋子（岡山大・植物研）

1. 放射能による環境汚染とその影響
小野 俊朗（岡山大学自然生命科学研究支援センター）
2. 3.11 東日本大震災による宮城県農業の被災状況と復興支援対策
永野 邦明（宮城県北部地方振興事務所農業振興部）
3. 福島県における東日本大震災の農業への影響と地域農業復旧・復興支援の取り組み
太田 弘志（福島県相双農林事務所）
4. 大津波に被災した農地土壌（宮城県）の概況
南條 正巳（東北大学大学院）
5. 植物のセシウム吸収特性と輸送体の探索
山上 睦（（財）環境科学技術研究所）
6. オオムギを用いた塩水害の克服
佐藤 和広（岡山大学資源植物科学研究所）
7. 福島県飯舘村における現地予備調査報告と今後の計画
山下 純（岡山大学資源植物科学研究所）

Workshop supported by Joint Usage/Research Center
- Towards recovery of suffered farmland from the Tohoku Earthquake -

February 27, 2012
IPSR, Okayama University
Organizer: Yoko Yamamoto (IPSR, Okayama University)

1. Environmental pollution and effects of radioactivity
T. Ono (Advanced Science Research Center, Okayama University)
2. Damage situation of agriculture by 3.11 Tohoku Earthquake in Miyagi prefecture and reconstruction support
K. Nagano (Miyagi Prefectural Government)
3. Effects on the agriculture in Fukushima prefecture by the Tohoku Earthquake and projects to support recovery and rebuilding the regional agriculture
H. Ohta (Fukushima Prefectural Government)
4. The general situation of farmlands suffered by big Tsunami in Miyagi prefecture
M. Nansho (Graduate School of Agriculture, Tohoku University)
5. Caesium absorption feature and search for its transporters in plants
M. Yamagami (Institute for Environmental Science)
6. Overcoming salt water damage by barley
K. Sato (Institute of Plant Science and Resources, Okayama University)
7. Report of preliminary observation at Iitate-Fukushima and future plans
J. Yamashita (Institute of Plant Science and Resources, Okayama University)

共同利用／共同研究拠点ワークショップ
- Agilent マイクロアレイ基盤の整備とマイクロアレイ実験の展望 -

日程：平成 24 年 3 月 1 日
場所：岡山大学資源植物科学研究所
オーガナイザー：最相大輔（岡山大・植物研）

1. eArray を使用したカスタムアレイ作成方法のご紹介
津本 祐子（アジレント・テクノロジー株式会社）
2. カスタムアレイの設計と解析に必用な情報基盤－プローブアノテーションとデータベースの統合－
持田 恵一（理化学研究所）
3. より信頼性の高いアレイデータを得るためのアプローチ－サンプリングからデータ解析までのポイント－
長村 吉晃（農業生物資源研究所）
4. Laser microdissection を利用した組織特異的なマイクロアレイ解析
高橋 宏和（名古屋大学）
5. マイクロアレイデータ解析ソフト GeneSpring GX：数万遺伝子からのデータ発掘
高木 有希（トミーデジタルバイオロジー株式会社）
6. 総合討論

Workshop supported by Joint Usage/Research Center
- Development of Agilent microarray infrastructure and the prospects
of microarray experiments -

March 1, 2012,
IPSR, Okayama University
Organizer: Daisuke Saisho (IPSR, Okayama University)

-
1. Introduction of how to create a custom array using eArray platform
Y. Tsumoto (Agilent Technologies)
 2. Information infrastructure for the design and analysis of custom arrays- Probe annotation and database integration -
K. Mochida (RIKEN)
 3. Approach for obtaining more reliable microarray data- From sampling to data analysis -
Y. Nagamura (NIAS)
 4. Tissue-specific microarray analysis using the Laser microdissection
H. Takahashi (Nagoya Univ.)
 5. Introduction of microarray data analysis software GeneSpring GX: Exploration from the several tens of thousand genes:
Y. Takagi (TOMY DIGITAL BIOLOGY CO.,LTD.)
 6. General Discussion

共同利用／共同研究拠点シンポジウム
第4回植物ストレス科学研究シンポジウム

日程：平成24年3月8日～9日

場所：倉敷市芸文館

オーガナイザー：馬 建鋒・鈴木信弘・坂本 亘・(岡山大・植物研)

3月8日

【植物ストレス・遺伝資源講演】

1. イネ遺伝子発現データベース RiceXPro 構築とその利用
長村 吉晃（農業生物資源研究所）
2. シロイヌナズナのエピジェネティック変異体と遺伝子内ヘテロクロマチン制御
佐瀬 英俊（沖縄科学技術大学院大学）
3. 植物の動原体解析と人工染色体
長岐 清孝（岡山大学資源植物科学研究所）
4. 色素体包膜でのピルビン酸の輸送分子機構
古本 強（広島大学）
5. 植物特有のアニオン輸送体 ALMT の多彩な機能
佐々木 孝行（岡山大学資源植物科学研究所）
6. ストレス応答における植物ホルモンネットワーク
仲下 英雄（東京農業大学）
7. New insights into regulation of jasmonate-mediated defense responses against herbivores in tobacco plants.
Ivan Galis（岡山大学資源植物科学研究所）
8. 色素体内在物質についての細胞学的研究 [DNA と Starch を例に]
松島 良（岡山大学資源植物科学研究所）

3月9日

【共同研究発表】

9. プロテオミクスによるミネラル欠乏に応答した輸送体の機能解析
深尾 陽一郎（奈良先端科学技術大学院大学）
10. 窒素欠乏条件下で働くミヤコグサ根粒の MATE 型輸送体の生理機能
矢崎 一史（京都大学）
11. 葉緑体の遺伝子組換え技術を利用したストレス耐性植物の育成
寺地 徹（京都産業大学）
12. ツツジ科植物の無葉緑化と菌根共生
上中 弘典（鳥取大学）
13. リン欠乏で誘導される有機酸分泌に関わるトランスポーター
和崎 淳（広島大学）
14. シロイヌナズナにおけるトバモウィルス病徴決定因子の単離と解析
西口 正通（愛媛大学）

-
15. オオムギの各種いもち病菌抵抗性に関与する遺伝子座 Rmo2 の解析
玄 康洙 (神戸大学)
 16. 光周期依存型の応答性制御における概日時計の役割
溝口 剛 (筑波大学)
 17. 網羅的解析で明らかになった、ミトコンドリアと植物ホルモンの関係
中川 直樹 (広島大学)
 18. 環境微生物に対するイネ変異系統の選抜
高原 浩之 (石川県立大学)
 19. オオムギ硝酸トランスポーター研究の新たな展開
末吉 邦 (新潟大学)

Symposium supported by Joint Usage/Research Center
Forth Symposium on Plant Stress Science Research

March 8-9, 2012

Kurashiki Geibunkan

Organizer: Jian Feng Ma, Nubuhiko Suzuki, Wataru Sakamoto (IPSR, Okayama University)

March 8

【Plant Stress · Genetic Resources】

1. Construction and application of RiceXPro, a database of rice gene expression
Y. Nagamura (National Institute of Agrobiological Sciences)
2. Intragenic heterochromatin controls and epigenetic mutants in Arabidopsis.
H.Saze (Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University)
3. Analyses of plant centromeres and artificial chromosomes.
K. Nagaki (IPSR, Okayama University)
4. Molecular insights in pyruvate transport across plastid envelope membrane
T. Furumoto (Hiroshima University)
5. Functional diversity of plant specific ALMT-type anion transporter.
T. Sasaki (IPSR, Okayama University)
6. Plant hormone network in response to stress
H. Nakashita (Tokyo Agricultural University)
7. New insights into regulation of jasmonate-mediated defense responses against herbivores in tobacco plants.
I. Galis (IPSR, Okayama University)
8. Molecular mechanism to regulate substances in the plant organelles (Examples of organellar DNA and starch)
R. Matsushima (IPSR, Okayama University)

March 9

【Jointed Research】

9. Proteomic analysis of the function of transporters responding to mineral deficiencies
Y. Fukao (Nara Institute of Science and Technology)
10. Physiological role of a MATE transporter in the nodules of *Lotus japonicus* under N-deficient condition
K. Yazaki (Kyoto University)
11. Chloroplast transformation technology and its practical use for generating stress-resistant plants
Toru Terachi (Kyoto Sangyo University)
12. Symbiosis of Mycorrhizae with the achlorophyllous monotropoid plant in Ericaceae
H. Kaminaka (Tottori University)
13. Analyses for phosphate-deficiency inducible transporters involved in organic acid exudation
J. Wasaki (Hiroshima Univ.)
14. Identification of host factors determining the symptoms induced by tobamoviruses in *Arabidopsis thaliana*
M. Nishiguchi (Ehime University)

-
15. Analysis of Rmo2, a core locus conditioning the resistance of barley to various host-specific subgroups of *Magnaporthe oryzae*
Gang-Su Hyon (Graduate School of Agricultural Sciences, Kobe University)
 16. Function of the circadian clock in the regulation of the photoperiod-dependent responses of plant.
T. Mizoguchi (Tsukuba University)
 17. Unique interactions between mitochondria and plant hormone actions highlighted by comprehensive transcripts analyses.
H. Nakagawa (Hiroshima University)
 18. Screening of rice transposon-tagged lines showing specific interaction to environmental microbes.
H. Takahara (Fac. Biores. Env. Sci., Ishikawa Prefectural University)
 19. New aspect of nitrate transporter research in barley
K. Sueyoshi (Niigata University)

平成 24 年度岡山大学資源植物科学研究所公開講座プログラム

日程：平成 24 年 5 月 26 日
場所：岡山大学資源植物科学研究所
講座名：ウイルス – 摩訶不思議な不完全生命体 –

1. ウイルスの植物乗っ取り戦略：病原ウイルスはどのようにして植物の中を広がるか？
植木 尚子（岡山大学資源生物科学研究所）
2. ウイルスいろいろ：役に立つウイルス、目立たないウイルス
鈴木 信弘（岡山大学資源植物科学研究所）

Program of IPSR Open Lectures, Okayama University 2012

May 28, 2012, IPSR
Title: Virus -Mysterious Incomplete Creature-

1. Strategy of pirates: How pathogenic virus spread all over host plant?
S. Ueki (IPSR, Okayama University)
2. Diverse viruses: beneficial and cryptic ones.
N. Suzuki (IPSR, Okayama University)

International Seminar on the Development of Insecticide Resistance and Its Management in the Diamondback Moth

August 27, 2012
Nagoya University

Organizers: Tadashi Miyata (Nagoya University), Toshiharu Tanaka (Nagoya University), Ken Miura (Nagoya University),
Shoji Sonoda (IPSR, Okayama University), Chieka Minakuchi (Nagoya University)

1. Current situation of insecticide resistance in the diamondback moth in Thailand
Suprada, S. and Somsak, S. (Pest Management Group, Office of Plant Protection Research and Development, Department of Agriculture, Thailand)
2. The insecticide efficacy to field population of the diamondback moth in Thailand
Somsak, S. et al. (Pest Management Group, Office of Plant Protection Research and Development, Department of Agriculture, Thailand)
3. The status and management of DBM resistance to insecticides in China
Gao, X.-W. (China Agricultural University, China)

-
4. Genetic background evaluation: Sharp decline of insecticide resistance under heat stress in insecticide-resistant and –susceptible *Plutella xylostella*
Zhang, L.-J. et al. (Fujian Agriculture and Forestry University, China)
 5. Organophosphate resistance in the laboratory and field strains of the diamondback moth
Sonoda, S. (IPSR, Okayama University, Japan)
 6. IPM for DBM –key tactical strategies for managing resistance in crucifer crop systems
Sivapragasam, A. et al. (CAB-SEA, Malaysia)
 7. Preventing, Delaying, and Managing Resistance of Diamondback Moth: A Global Effort to Preserve Diamide Chemistry by the International Insecticide Resistance Action Committee (IRAC)
Andaloro, J. T. et al. (DuPont Company, USA)
 8. Management of the development of insecticide resistance in the diamondback moth based on mechanism of insecticide resistance.
Miyata, T. et al. (Nagoya University, Japan)

共同利用／共同研究拠点ワークショップ
－植物ホルモンとイオン輸送体の相互理解－

日程：平成 24 年 8 月 31 日
場所：岡山大学資源植物科学研究所
オーガナイザー：森 泉・佐々木孝行（岡山大・植物研）

1. コムギ無細胞系を基盤とした膜タンパク質解析系の構築
野澤 彰（愛媛大学・無細胞生命科学工学研究センター）
2. 難利用性リンの積極的獲得に関わる根分泌物質の輸送と制御
和崎 淳（広島大学・大学院生物圏科学研究科）
3. ミヤコグサ根粒内で機能する膜輸送体
高梨 功次郎（京都大学・生存圏研究所）
4. 局在と輸送の解明に向けた植物ホルモンの高感度一斉分析
軸丸 祐介（帝京大学・理工学部）
5. コムギ種子のホルモノーム
松浦 恭和（岡山大学・資源植物科学研究所）
6. 伸長生長における細胞膜プロトンポンプの活性制御
高橋 宏二（名古屋大学・理学研究科）
7. 孔辺細胞における原形質膜イオンチャネルの活性制御機構
宗正 晋太郎（岡山大学・大学院環境生命科学研究科）

Workshop supported by Joint Usage/Research Center
－ An Interactive Approach to Understanding Plant Hormones and Ion Transporters －

August 31, 2012
IPSR, Okayama University
Organizers: Izumi C. Mori, Takayuki Sasaki (IPSR, Okayama University)

1. Wheat cell-free synthesis of membrane proteins for functional analysis
A. Nozawa (Cell-free Science and Technology Research Center, Ehime University)
2. Transport and regulation of root exudates involved in active uptake of sparingly available P
J. Wasaki (Graduate School of Biosphere Science, Hiroshima University)
3. Membrane transporters in nodules of *Lotus japonicas*
K. Takanashi (Research Institute for Sustainable Humanosphere, Kyoto University)
4. Comprehensive high-sensitivity analysis of plant hormones
Y. Zikumar (Department of Biosciences, Teikyo University)

5. Homonome of wheat seeds

T. Matsuura (Institute of Plant Science and Resources , Okayama University)

6. Regulation of plasma membrane proton pump activity in elongation

K. Takahashi (Graduate School of Science, Nagoya University)

7. Mechanism of plasma membrane ion channel regulation in guard cells

S. Munemasa (Graduate School of Environmental and Life Science, Okayama University)

日本育種学会 2012 年秋季大会ワークショップ

日程：平成 24 年 9 月 14 日

場所：京都産業大学

テーマ：育種学教育の現状と展望

オーガナイザー：佐藤和広（岡山大・植物研）・福井希一（阪大院工）

1. 育種学教育における教科書について

鷲飼 保雄（元東京大院農）

2. 『植物育種学各論』からの課題と提案

日向 康吉（東北大）

3. 『育種における細胞遺伝学』からの課題と提案

辻本 壽（鳥取大・乾燥地研）

4. 『植物の遺伝と育種』からの課題と提案

向井 康比己（大阪教育大）

5. 『植物の分子育種学』からの課題と提案

鈴木 正彦（前北大農院）

パネルディスカッション 司会：福井希一・佐藤和広

Workshop of 2012 Autumn Meeting, Japanese Society of Breeding

September 14, 2012, Kyoto Sangyo University

Current status and prospects for education in breeding science

Organizers: Kazuhiro Sato (Okayama University), Kiichi Fukui (Osaka University)

1. Textbook in the education of plant breeding

Y. Ukai (University of Tokyo)

2. Proposal from my experience in editing a book "Shokubutsu-Ikushugaku-Kakuron"

K. Hinata (Tohoku University)

3. Role of cytogenetics for plant breeding

H. Tsujimoto (Arid Research Center, Tottori University)

4. Problems and proposal from "Plant Genetics and Breeding"

Y. Mukai (Osaka Kyoiku University)

5. Proposal from 'Plant Molecular Breeding'

M. Suzuki (Hokkaido University)

Panel Discussion: Chairpersons : Kazuhiro Sato (Okayama University), Kiichi Fukui (Osaka University)

日本育種学会第 54 回シンポジウム

日程：平成 24 年 9 月 14 日

場所：京都産業大学

テーマ：エピミュータジェネシスと次世代育種への展開

オーガナイザー：前川雅彦（岡山大・植物研）・金澤章（北大・院農）・堤伸浩（東大・農学生命科学）

1. RdDM を利用した FWA 遺伝子のエピジェネティックな不活化と New Plant Breeding Techniques への応用
木下 哲（奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科）
2. エピゲノム操作の作物育種への応用
土生 芳樹（農業生物資源研究所）
3. エピジェネティックな遺伝子発現制御を介した形質改変
金澤 章・河西 めぐみ（北大・院農）
4. オミクス解析で明らかとなってきた種内雑種特異的な遺伝子発現制御
柴 博史¹・日野沙由理²・桂 奈津美²・五十嵐香理³・藤橋 大祐³・堀内 映実⁴・鈴木 穰⁴・矢野健太郎⁴・磯貝 彰²・高山 誠司²（¹茨城大学理学部,²奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス研究科,³明治大学農学部,⁴東京大学新領域創成科学研究科）
5. 新しい植物デザイン技術と植物育種への利用
江面 浩（筑波大学）

The 54th Symposium of the Japanese Society of Breeding

September 14, 2012, Kyoto Sangyo University

Epimutagenesis and its application for next generation breeding

Organizers: Masahiko Maekawa (IPSR, Okatama Univ.), Akira Kanazawa (Grad. Sch. Agr., Hokkaido Univ.), Nobuhiro Tsutsumi (Grad. Sch Agr. Life Sci., Univ. Tokyo)

1. Re-silencing of *FWA* by RdDM and possible application to NBT
T. Kinoshita (Nara Inst. Sci Tec.)
2. Manipulation of epigenome for crop breeding
Y. Habu (NIAS)
3. Engineering novel traits via epigenetic control for gene expression
A. Kanazawa and M. Kasai (Hokkaido Univ.)
4. Whole genome analysis for identification of gene expression changes in two *Arabidopsis* ecotypes and their reciprocal hybrids
H. Shiba (Ibaraki Univ.) et al.
5. New plant design techniques and its application in plant breeding
H. Ezura (Univ. Tsukuba)

植物生体膜シンポジウム

日程：平成 24 年 9 月 15 日

場所：兵庫県立大学姫路書写キャンパス

テーマ：植物細胞におけるカルシウムシグナリング

オーガナイザー：森 泉（岡大・植物研）、村田芳行（岡大・環境生命科学）、且原真木（岡大・植物研）

1. 光応答とカルシウムシグナル
原田 明子（大阪医科大学生物科学教室）
2. 気孔閉口運動を制御するカルシウムシグナリング
宗正 晋太郎（岡山大学大学院環境生命科学研究科）
3. 機械刺激とカルシウムシグナル
金子 智之（岡山大学大学院医歯薬学総合研究科）

-
4. 植物細胞におけるカルシウムシグナリング ―研究材料としてのシャジクモ類―
菊山 宗弘 (新潟大学理学部)

The Symposium of Plant Biomembranes

September 15, 2012

University of Hyogo, Himeji Shosha Campus

Theme: Calcium Signaling in Plants

Organizers: Izumi Mori (IPSR, Okayama Univ.), Yoshiyuki Murata (Env. Life Sci., Okayama Univ.)

Maki Katsuhara (IPSR, Okayama Univ.)

1. Light response and calcium signaling
A. Harada (Osaka Medical College)
2. Calcium signaling that regulates stomatal movements
S. Munemasa (Okayama University)
3. Mechanical stimulation and calcium signaling
T. Kaneko (Okayama University)
4. Calcium signaling in plants - Characean cells as an experimental model -
M. Kikuyama (Niigata University)

共同利用／共同研究拠点ワークショップ

- Agilent マイクロアレイ基盤の整備とマイクロアレイ実験の展望 (2) -

日程：平成 24 年 11 月 30 日

場所：岡山大学資源植物科学研究所

オーガナイザー：最相大輔 (岡山大・植物研)

1. 非モデル生物のトランスクリプトーム解析～RNA-seq か？マイクロアレイか？～
坊農 秀雅 (大学共同利用機関法人情報・システム研究機構)
2. NGS を使った遺伝子情報基盤の整備
片山 稔 (ライフ・テクノロジーズ株式会社)
3. DNA マイクロアレイ@NGS 時代～カスタムデザインの柔軟性がもたらす、NGS との共存関係～
津本 祐子 (アジレント・テクノロジー株式会社)
4. カイコのトランスクリプトーム解析
天竺桂 弘子 (明治薬科大学薬学部生命創薬科学科)
5. 植物研で始めるマイクロアレイ～依頼から解析まで～
西村 秀希 (岡山大学資源植物科学研究所)
6. 総合討論

Workshop supported by Joint Usage/Research Center

- Development of Agilent microarray infrastructure and the prospects of microarray experiments (2) -

November 30, 2012

IPSR, Okayama University

Organizer: Daisuke Saisho (IPSR, Okayama University)

1. Transcriptome analysis of non-model organisms: RNA-seq or microarray?
H. Bono (DBCLS)

-
2. Development of genetic information infrastructure using NGS
J. Katayama (life technologies)
 3. DNA microarray@ NGS era: Flexibility of custom-designed DNA microarray and Relationship between the microarray and NGS
Y. Tsumoto (Agilent technologies)
 4. Transcriptome analysis of silkworm
H. Tabunoki (Meiji Pharmaceutical Univ.)
 5. DNA microarray infrastructure in IPSR: From request to analysis
H. Nishimura (IPSR, Okayama Univ.)
 6. General Discussion

共同研究リスト（共同利用・共同研究拠点事業）

(List of Joint Projects at the Joint Usage/Research Center)

研究所教員名 (Corresponding staff)	所属機関・部局 (Institution, Department)	職 名 (Position)	氏 名 (Name)
坂本 亘 (Sakamoto, W.)	課題名 (Subject title)		
	九州大学・理学研究院生物科学部門 (Kyushu University, Faculty of Sciences, Department of Biology)	特任教授 (Specially Appointed Professor)	和田 正三 (Wada, M.)
	色素体の分化と光ストレス回避のための運動・定位の関係 (Relationship of plastid differentiation with the movement and positioning for an escape from light stress)		
	島根大学・生物資源科学部 (Shimane University, Faculty of Life and Environmental Science)	教授 (Professor)	石川 孝博 (Ishikawa, T.)
	シロイヌナズナ APX 変異体を用いたレドックスシグナル伝達機構の解析 (Analysis of redox signal transduction using Arabidopsis APX mutant)		
	大阪大学・大学院理学研究科 (Osaka University, Graduate School of Science)	准教授 (Associate Professor)	高木 慎吾 (Takagi, S.)
	ミトコンドリア・葉緑体共局在の生理学的意義の解明 (Co-localization of mitochondria and chloroplasts and its physiological relevance to stresses in Arabidopsis mesophyll cells)		
	京都産業大学・総合生命科学部 (Kyoto Sangyo University, Faculty of Life Science)	教授 (Professor)	寺地 徹 (Terachi, T.)
坂本 亘・ 松島 良 (Sakamoto, W. and Matsushima, R.)	葉緑体の遺伝子組換え技術を利用したストレス耐性植物の育成 (Chloroplast transformation technology and its practical use for generating stress-resistant plants)		
	鳥取大学・農学部 (Tottori University, Faculty of Life Science)	准教授 (Associate Professor)	上中 弘典 (Kaminaka, H.)
平山 隆志 (Hirayama, T.)	菌根菌共生及び無葉緑植物における共生関連因子とストレス応答 (Factors and stress responses associated with symbiosis of Mycorrhizae with the achlorophyllous monotropoid plant)		
	北海道大学・大学院水産科学研究院 (Graduate School of Fisheries Sciences, Hokkaido University)	准教授 (Associate Professor)	三上 浩司 (Mikami, K.)
	海藻における環境ストレス下での植物ホルモンの定量解析 (Plant hormone responses of seaweeds under environmental stress conditions)		
	北海道大学・大学院理学研究院 (Hokkaido University, Faculty of Science)	助教 (Assistant Professor)	佐藤 長緒 (Sato, T.)
	植物の栄養素シグナル制御におけるアブシジン酸の機能解明 (Studies on Plant Nutrient Signaling Regulated by Abscissic Acid)		
	静岡県立大学・生活健康科学研究科 (University of Shizuoka, Graduate School of Nutritional and Environmental Sciences)	助教 (Assistant Professor)	丹羽 康夫 (Niwa, Y.)
	植物の pH ストレス応答に関する研究 (Research on pH stress response in plant)		
	九州大学・大学院農学研究院 (Kyushu University, Faculty of Agriculture)	准教授 (Associate Professor)	丸山 明子 (Maruyama, A.)
	植物 EIL 転写因子の機能分化 (Functional differentiation of Plant EIL transcription factor)		
	岡山大学・自然科学研究科 (Okayama University, Faculty of Science)	助教 (Assistant Professor)	本瀬 宏康 (Motose, H.)
	植物の NimA 関連キナーゼのストレス応答と形態形成における機能解析 (Functional analysis of NimA-related protein kinases in stress response and morphogenesis)		

平山 隆志・森 泉 (Hirayama, T. and Mori, I.)	広島大学・生物圏科学研究科 (Hiroshima University, Graduate School of Biosphere Science)	助教 (Assistant Professor)	中川 直樹 (Nakagawa, N.)
	ミトコンドリア関連変異による、環境シグナル応答修飾機構の研究 (Analysis of the effects of mitochondrial dysfunction on environmental stress responses)		
	岡山大学・異分野融合先端研究コア (Okayama University, Research Core for Interdisciplinary Sciences (RCIS))	助教 (特任) (Assistant Professor)	能年 義輝 (Noutoshi, Y.)
	<i>NahG</i> 遺伝子の副作用の分子メカニズム解明 (Characterization of molecular mechanism of <i>NahG</i> side effect)		
森 泉 (Mori, I.)	大阪医科大学・医学部 (Osaka Medical College, Faculty of Medicine)	講師 (Lecturer)	原田 明子 (Harada, A.)
	Ca ²⁺ シグナルに着目した強光ストレス応答反応の分子機構に関する研究 (Studies on Ca ²⁺ signaling mechanisms in light stress)		
	国立環境研究所・生物・生態系環境研究センター (National Institute for Environmental Studies, Center for Environmental Biology and Ecosystem Studies)	主任研究員 (Senior researcher)	玉置 雅紀 (Tamaoki, M.)
	大気汚染ガス (オゾン) によるイネの収量減少機構の解明 (Studies on the yield reduction mechanism of rice by ozone exposure)		
馬 建鋒 (Ma, J. F.)	北海道大学・創成研究機構 (Hokkaido University, Creative Research Institution)	特任助教 (Specially Appointed Assistant Professor)	三輪 京子 (Miwa, K.)
	ホウ酸輸送体発現上昇による作物へのホウ素栄養ストレス付与 (Enhanced crop B stress tolerance by increasing expression level of B transporters)		
	横浜市立大学・木原生物学研究所 (Yokohama City University, Kihara Institute for Biological Research)	教授 (Professor)	坂 智広 (Ban, T.)
	コムギ ABC トランスポーター <i>TaMRP-D1</i> の機能解析 (Functional analysis of wheat ABC transporter TaMRP-D1)		
	名古屋大学・大学院理学研究科 (Nagoya University, Graduate School of Science)	教授 (Professor)	木下 俊則 (Kinoshita, T.)
	乾燥ストレスや日長に応答した気孔孔辺細胞における遺伝子発現の解析 (Analysis of gene expression in stomatal guard cells in response to drought stress and day length)		
	島根大学・生物資源科学部 (Shimane University, Faculty of Life and Environmental Science)	助教 (Assistant Professor)	秋廣 高志 (Akihiro, T.)
	ヒ素およびカドミウムの輸送に関わる新奇トランスポーターの機能解析 (Functional characterization of novel arsenic and cadmium transporters)		
山本 洋子・佐々木 孝行 (Yamamoto, Y. and Sasaki, T.)	京都大学・生存圏研究所 (Kyoto University, Research Institute for Sustainable Humanosphere)	助教 (Assistant Professor)	杉山 暁史 (Sugiyama, A.)
	ミヤコグサ根粒内で機能する ALMT の生理的役割 (Physiological roles of ALMT functioning in nodules of <i>Lotus japonicus</i>)		
	広島大学・大学院生物圏科学研究科 (Hiroshima University, Graduate School of Biosphere Science)	准教授 (Associate Professor)	和崎 淳 (Wazaki, J.)
	リン欠乏誘導型膜輸送タンパク質の機能の解明と応用 (Analyses and applications for transport proteins induced by phosphate-deficiency)		
	愛媛大学・無細胞生命科学工学研究センター (Ehime University, Cell-Free Science and Technology Research Center and Venture Business Laboratory)	教授 (Professor)	戸澤 譲 (Tozawa, Y.)
	膜輸送体蛋白質の合成と機能解析 (In vitro synthesis and functional analyses for the membrane transporter proteins)		

山本 洋子・佐々木 孝行 (Yamamoto, Y. and Sasaki, T.)	京都府立大学・大学院生命環境科学研究科 (Kyoto Prefectural University, Graduate School of Life and Environmental Sciences)	教授 (Professor)	椎名 隆 (Shiina, T.)
	植物の病害・ストレス応答と葉緑体 Ca^{2+} シグナル (Biotic and abiotic stress responses in plants and chloroplast Ca^{2+} signaling)		
佐々木 孝行・山本 洋子 (Sasaki, T. and Yamamoto, Y.)	岡山大学・大学院環境生命科学研究科 (Graduate School of Environmental and Life Science, Okayama University)	教授 (Professor)	村田 芳行 (Murata, Y.)
	イオンチャネルを標的とした耐性植物の創出とその利用に関する研究 (Generation of tolerant plants by engineering of ion channels)		
且原 真木 (Katsuhara, M.)	京都府立大学・大学院生命環境科学研究科 (Kyoto Prefectural University, Graduate School of Life and Environmental Sciences)	講師 (Lecturer)	森田 重人 (Morita, S.)
	イネのカリウム / ナトリウム輸送体 HKT と HAK の耐塩性における機能の解析 (Functional analysis of potassium and sodium transporter HKTs and HAKs in rice)		
	信州大学・繊維学部 (Shinshu University, Faculty of Textile Science and Technology)	准教授 (Associate Professor)	堀江 智明 (Horie, T.)
	植物のナトリウム / カリウム透過性輸送体のイオン輸送特性の解明 (Analysis of the ion transport property of sodium/potassium transporters in plants)		
	名古屋大学・エコトピア科学研究所 (Nagoya University, EcoTopia Science Institute)	研究機関研究員 (Research Associate)	古市 卓也 (Furuichi, T.)
	リン酸化によるクロライドチャネルの活性制御機構 (Regulatory mechanisms of the chloride channel activity by phosphorylation)		
	京都大学・大学院人間・環境学研究科 (Kyoto University, Graduate School of Human and Environmental Studies)	准教授 (Associate Professor)	瀬戸口浩彰 (Setoguchi, H.)
鈴木 信弘 (Suzuki, N.)	宮城大学・食産業学部 (Miyagi University, School of Food, Agricultural and Environmental Sciences)	准教授 (Associate Professor)	笠原 紳 (Kasahara, S.)
	植物病原糸状菌 <i>Cryphonectria parasitica</i> の RAS シグナルトランスダクション経路とマイコウイルスとの関係 (Exploration of interactions between infection the RAS signaling pathway of their phytopathogenic host, <i>Cryphonectria parasitica</i> and mycovirus infection)		
鈴木 信弘・近藤 秀樹 (Suzuki, N. and Kondo, H.)	愛媛大学・農学部 (Ehime Univ., Faculty of Agriculture)	教授 (Professor)	西口 正通 (Nishiguchi, M.)
	シロイヌナズナにおけるトバモウイルス病徴決定因子の単離と解析 (Isolation and characterization of host factors responsible for symptom induction in Arabidopsis thaliana by tobamoviruses)		
近藤 秀樹・鈴木 信弘 (Kondo, H. and Suzuki, N.)	東京家政大学・家政学部 (Tokyo Kasei Univ., Department of Environmental Education)	准教授 (Associate Professor)	藤森 文啓 (Fujimori, F.)
	マイタケ Partitivirus の性状と生物学的特性に関する研究 (Molecular and biological properties of a novel partitivirus from <i>Grifola frondosa</i>)		
谷 明生 (Tani, A.)	京都大学・大学院農学研究科 (Kyoto Univ., Graduate School of Agriculture)	教授 (Professor)	阪井 康能 (Sakai, Y.)
	植物表層に棲息する C1 微生物の分離と植物 - 微生物間相互作用の解析 (Isolation of C1 microorganisms inhabiting phyllosphere, and analysis of plant-microbe interaction)		
	岐阜大学・応用生物科学部 (Gifu Univ., Faculty of Applied Biological Sciences)	准教授 (Associate Professor)	中川 智行 (Nakagawa, T.)
	レアアースによるメタノール細菌の代謝活性化機構の解明と植物生育促進技術への応用 (Mechanism for metabolic activation by rare-earth elements in methylophilic bacteria and its application for plant growth promotion)		

ガリス イバン (Galis, I.)	東京大学・大学院理学系研究科 (University of Tokyo, Graduate School of Science)	助教 (Assistant Professor)	竹内 雅宜 (Takeuchi, M.)
	高等植物の草食性昆虫に対する防御反応系における cGMP と cAMP の機能解明 (Functional analysis of cGMP and cAMP in defense of higher plants against herbivorous insects)		
	山口大学・大学院医学系研究科 (Yamaguchi University, Graduate School of Medicine)	教授 (Professor)	松井 健二 (Matsui, K.)
	草食性昆虫食害特異的揮発性化合物への植物の応答機構の解明 (Mechanisms of plant responses to specific volatile compounds induced by feeding of herbivorous insects)		
園田 昌司・ 山下 純 (Sonoda, S. and Yamashita, J.)	秋田県果樹試験場 (Fruit-Tree Experiment Station, Akita Prefectural Agriculture, Forestry and Fisheries Research Center)	主任研究員 (Senior researcher)	舟山 健 (Funayama, K.)
	リンゴ園における植生管理と土着カブリダニの定着に関する研究 (Study on vegetation management and colonization of phytoseiid mites in apple orchards)		
植木 尚子 (Ueki, S.)	大阪大学・蛋白質研究所 (Osaka University, Institute for Protein Research)	助教 (Assistant Professor)	佐藤 毅 (Sato, T.)
	赤潮原因藻ヘテロシグマを宿主とする DNA ウィルス増殖過程の解析 (Molecular analysis of replication process of a double strand DNA virus, <i>Heterosigma akashiwo</i> <i>virus</i>)		
佐藤 和広 (Sato, K.)	神戸大学・大学院農学研究科 (Kobe Univ., Graduate School of Agricultural Science)	教授 (Professor)	土佐 幸雄 (Tosa, Y.)
	オオムギの各種いもち病菌抵抗性に関与する複合遺伝子座 <i>Rmo2</i> の構造解明 (Identification of structure on complex locus <i>Rmo2</i> showing various resistance reactions to barley)		
	金沢大学・学際科学実験センター (Kanazawa University, Advanced Science Research Center)	准教授 (Associate Professor)	西内 巧 (Nishiuchi, T.)
	シロイヌナズナで解明された赤かび病抵抗性遺伝子のオオムギへの応用展開 (Advanced research in barely on Fusarium resistance gene identified in Arabidopsis)		
	京都大学・農学研究科 (Graduate School of Agriculture, Kyoto University)	助教 (Assistant Professor)	那須田周平 (Nasuda, S.)
	オオムギゲノミクスに立脚したコムギゲノム解析基盤の構築 (Construction of basis of wheat genomic analysis based on barley genomics)		
佐藤 和広・ 最相 大輔 (Sato, K. and Saisho, D.)	理化学研究所・植物科学研究センター (RIKEN Plant Research Center)	研究員 (Researcher)	澤田 有司 (Sawada, Y.)
	オオムギのメタボロームの QTL 解析 (QTL analysis on barley metabolome)		
最相 大輔・ 佐藤 和広 (Saisho, D. and Sato, K.)	福井県立大学・生物資源学部 (Fukui Prefectural University, The Faculty of Biotechnology)	准教授 (Associate Professor)	松岡 由浩 (Matsuoka, Y.)
	タルホコムギの耐塩性ナチュラルバリエーション (Natural variation for salt tolerance in Aegilops tauschii Coss)		
最相 大輔 (Saisho, D.)	神戸大学・大学院農学研究科 (Kobe Univ., Graduate School of Agricultural Science)	准教授 (Associate Professor)	山崎 将紀 (Yamasaki, M.)
	オオムギ遺伝資源の表現形質の測定と管理システムの開発 (Development of Phenotyping Management System in Barley Genetic Resource)		
武田 真・ 佐藤 和広 (Taketa, S. and Sato, K.)	龍谷大学・文学部 (Ryukoku University, Faculty of Letters)	教授 (Professor)	古本 強 (Furumoto, T.)
	オオムギ遺伝資源からの温度不感受変異系統の探索 (Screening of temperature insensitive mutants from barley genetic resources)		

武田 真・ 佐藤 和広 (Taketa, S. and Sato, K.)	県立広島大学・生命環境学部 (Prefectural University of Hiroshima, Faculty of Life and Environmental Sciences)	准教授 (Associate Professor)	福永 健二 (Fukunaga, K.)
	アワ <i>PPO</i> 遺伝子の品種間多様性とオオムギ <i>PPO</i> 遺伝子との比較 (Varietal variation of <i>PPO</i> genes in foxtail millet and comparison with barley <i>PPO</i> genes)		
	三重大学・大学院生物資源学研究科 (Mie University, Graduate School of Bioresources)	教授 (Professor)	掛田 克行 (Kakeda, K.)
	オオムギ皮裸性遺伝子 (<i>Nud</i>) の機能と分化に関する研究 (Function and differentiation of barley covered/naked caryopsis gene (<i>Nud</i>))		
村田 稔・ 長岐 清孝 (Murata, M. and Nagaki, K.)	京都大学・大学院農学研究科 (Kyoto Univ., Graduate School of Agriculture)	教授 (Professor)	遠藤 隆 (Endo, T. R.)
	コムギ属植物の効率的形質転換法の開発 (Development of efficient transformation techniques in Triticinae)		
長岐 清孝・ 村田 稔 (Nagaki, K. and Murata, M.)	大阪教育大学・教養学科 (Osaka Kyoiku University, Division of Natural Science)	教授 (Professor)	向井康比己 (Mukai, Y.)
	ラン科植物における動原体配列の解析と人工染色体の作出 (Analysis of centromeric DNA sequences and construction of artificial chromosomes in Orchids)		
	千葉大学・大学院園芸学研究科 (Chiba University, Graduate School of Horticulture)	助教 (Assistant Professor)	菊池 真司 (Kikuchi, S.)
	トレンニア属植物の動原体構成要素の単離と人工染色体の構築 (Isolation of centromeric DNAs and development of artificial chromosome in <i>Torenia</i>)		
	関西福祉科学大学・保健医療学部 (Kansai University of Welfare Sciences, Department of Rehabilitation Sciences)	教授 (Professor)	山本 真紀 (Yamamoto, M.)
	ネギ属植物における動原体配列の解析と人工染色体の作出 (Analyses of centromeres and construction of artificial chromosomes in <i>Allium</i> specie)		
長岐 清孝 (Nagaki, K.)	基礎生物学研究所 (National Institute for Basic Biology)	助教 (Assistant Professor)	星野 敦 (Hoshino, A.)
	アサガオの遺伝子資源を用いたエピジェネティクス (Epigenetics on the bioresources of the Japanese morning glory)		
前川 雅彦 (Maekawa, M.)	石川県立大学・生物資源環境学部 (Ishikawa Prefectural University, Faculty of Bioresources and Environmental Sciences)	教授 (Professor)	鈴木 正一 (Suzuki, S.)
	イネ内在性トランスポゾンを用いた白未熟粒関連遺伝子の単離 (Isolation of genes related to milky white kernels in rice)		
	石川県立大学・生物資源環境学部 (Ishikawa Prefectural University, Faculty of Bioresources and Environmental Sciences)	教授 (Professor)	関根 政実 (Sekine, M.)
	イネ内在性トランスポゾンを用いた新奇植物ホルモン関連遺伝子の単離 (Isolation of a gene related to plant hormone signaling in rice)		
	基礎生物学研究所 (National Institute for Basic Biology, Tsugane Group)	助教 (Assistant Professor)	梅根 一夫 (Tsugane, K.)
	内在性 DNA トランスポゾンを用いた逆遺伝的手法による環境耐性イネの作出 (Development of environmental stress- tolerant rice by reverse genetic method using endogenous DNA transposon)		
	東京大学・大学院農学生命科学研究科 (University of Tokyo, Graduate School of Agricultural and Life Sciences)	教授 (Professor)	長戸 康郎 (Nagato, Y.)
	イネの温度ストレス感受性変異体の解析 (Analysis of temperature sensitive mutants in rice)		

前川 雅彦 (Maekawa, M.)	石川県立大学・生物資源環境学部 (Ishikawa Prefectural University, Faculty of Bioresources and Environmental Sciences)	准教授 (Associate Professor)	高原 浩之 (Takahara, H.)
	環境微生物に対するイネ変異系統の選抜と遺伝子の同定 (Screening of rice transposon-tagged lines showing specific interaction to environmental microbes)		
江崎 文一 (Ezaki, B.)	吉備国際大学・保健福祉研究所 (Kibi International University, Research Institute of Health and Welfare)	講師 (Lecturer)	元田 弘敏 (Motoda, H.)
	<i>Funaria hygrometria</i> (ヒョウタンゴケ) の高い金属資源蓄積機構に関する研究 (High accumulation mechanism of metal-resources in <i>Funaria hygrometria</i>)		

Annual Report 2012

Director: Yoko Yamamoto

Editorial Members: Yuko Yamashita
Sanae Rikiishi
Shoji Sonoda

Published by Institute of Plant Science and Resources, Okayama University
Chuo 2-20-1, Kurashiki 710-0046, Japan
Tel: +81-86-424-1661
Fax: +81-86-434-1249

岡山大学資源植物科学研究所報告 第20巻 (Annual Report 2012)

平成25年3月25日 印刷
平成25年3月31日 発行

発行所 岡山大学資源植物科学研究所
710-0046 倉敷市中央2丁目20-1
TEL : 086-424-1661
FAX : 086-434-1249

編集委員 山下 優子
力石 早苗
園田 昌司

印刷所 昭和印刷株式会社



岡山大学